

UFRRJ
INSTITUTO DE AGRONOMIA
CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM FITOTECNIA

DISSERTAÇÃO

**Descritores Morfológicos e Marcadores SCoT
na Avaliação da Divergência Genética entre
Genótipos de *Cucurbita* spp.**

Gabriele Dias da Silva

2025

UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO RIO DE JANEIRO
INSTITUTO DE AGRONOMIA
CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM FITOTECNIA

Descritores Morfológicos e Marcadores SCoT na Avaliação da Divergência Genética entre Genótipos de *Cucurbita* spp.

GABRIELE DIAS DA SILVA

Sob a Orientação da Professora

Prof^a Dr^a. Bruna Rafaela da Silva Menezes

Dissertação submetida como
requisito parcial para obtenção do
grau de **Mestre em Fitotecnia**, no
Curso de Pós-Graduação em
Fitotecnia.

Seropédica, RJ

Fevereiro de 2025

Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro
Biblioteca Central / Seção de Processamento Técnico

Ficha catalográfica elaborada
com os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

S586d Silva, Gabriele Dias da, 1997-
 Descritores morfológicos e Marcadores SCoT na
Avaliação da Divergência Genética entre Genótipos de
Cucurbita spp. / Gabriele Dias da Silva. - Rio de
janeiro, 2025.
 76 f.

 Orientadora: Bruna Rafaela da Silva Menezes.
Dissertação (Mestrado). -- Universidade Federal Rural
do Rio de Janeiro, CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM
FITOTECNIA , 2025.

 1. Cucurbita maxima. 2. Cucurbita moschata. 3.
Cucurbita pepo. 4. Caracterização morfológica. 5.
Marcadores moleculares. I. Menezes, Bruna Rafaela da
Silva, 1985-, orient. II Universidade Federal Rural do
Rio de Janeiro. CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM FITOTECNIA
III. Título.

UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO RIO DE JANEIRO
INSTITUTO DE AGRONOMIA
CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM FITOTECNIA

GABRIELE DIAS DA SILVA

Dissertação submetida como requisito parcial para obtenção do grau de **Mestre em Fitotecnia**, no Curso de Pós-Graduação em Fitotecnia, área de Concentração em Produção Vegetal.

DISSERTAÇÃO APROVADA EM 26/02/2025



Documento assinado digitalmente
BRUNA RAFAELA DA SILVA MENEZES
Data: 21/06/2026 19:53:32-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof^ª.: Bruna Rafaela da Silva Menezes
(Dr^a Genética e Melhoramento de Plantas) UFRRJ
(Orientadora)



Documento assinado digitalmente
MARILENE HILMA DOS SANTOS
Data: 22/06/2026 12:49:38-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof^ª.: Marilene Hilma dos Santos
(Dr^a Genética e Melhoramento de Plantas) UFRRJ



Documento assinado digitalmente
DANIELE LIMA RODRIGUES
Data: 02/07/2026 10:37:24-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof^ª.: Daniele Lima Rodrigues
(Dr^a Produção Vegetal) UEMASUL

Aos meus pais, Vania e Henrique, pelo apoio incondicional, dedico.

AGRADECIMENTOS

Meu primeiro agradecimento é dedicado ao meu Deus. Tudo que tenho, tudo que sou é dedicado e oferecido a Ele, pra honra e glória do nome Dele.

Agradeço também a minha família, especialmente aos meus pais, Vania e Henrique, por todo suporte e por acreditarem sempre nos meus sonhos. Também aos meus amigos da vida, amigos de graduação e da pós que me ajudaram e aconselharam durante todo o processo, por terem sido o ombro amigo que muitas vezes precisei: Felipe, Thamires, Juliana, Lucas e Beatriz.

Muito obrigada também ao Grupo de pesquisa em Genética e Melhoramento Vegetal e ao Laboratório de Genética e Melhoramento Vegetal-UFRRJ; aos colegas de laboratório, estagiários e técnicos, pois todo trabalho é feito em conjunto: Marta, Eulina, Mariana, Guilherme, Lucas, Larissa entre outros, meu agradecimento.

Também agradeço a professora Marilene, por todo suporte e disponibilidade em ajudar durante a parte laboratorial do trabalho e a professora Viviane, por ceder laboratório e equipamentos necessários para parte das análises desse trabalho.

Agradeço também a minha orientadora, professora Bruna, que desde o primeiro dia me recebeu muito bem, me ajudou, acolheu e acompanhou de perto todas as etapas desse trabalho, sempre pensando no bem-estar dos alunos e comprometida em apresentarmos sempre o melhor. Muito obrigada pela troca, pela abertura, pelos ensinamentos e por sempre acreditar no nosso trabalho.

Obrigada também ao Programa de Pós Graduação em Fitotecnia, a todos os técnicos e professores que estiveram sempre dispostos a ensinar e ajudar. À Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro pelo espaço e estrutura para o desenvolvimento do trabalho. À Cooperativa Plantar, por parte das sementes utilizadas nesse trabalho.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001” (PORTARIA Nº 206, DE 4 DE SETEMBRO DE 2018 DA CAPES).

RESUMO

SILVA, Gabriele Dias da. **Descritores morfológicos e marcadores SCoT na avaliação da divergência genética entre genótipos de *Cucurbita* spp.** 2025. 76p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia). Instituto de Agronomia, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, RJ, 2025.

As abóboras e abobrinhas pertencem à família *Cucurbitaceae*, e, devido à grande variabilidade genética da família, se destacam pela produção de frutos são consumidos no Brasil e no mundo. A divergência genética das abóboras e abobrinhas (*Cucurbita* spp.) é manifestada em características como: tamanho e peso do fruto e partir dessa divergência, programas de melhoramento genético se dedicam à obtenção de cultivares mais produtivas e que melhor atendam às necessidades do mercado consumidor. Os objetivos desse trabalho então foram a caracterização morfológica, estimativa da divergência genética entre genótipos de *Cucurbita* spp. e avaliação da viabilidade polínica visando obtenção de genótipos com melhor desempenho produtivo e qualidade de fruto. Todos os experimentos foram conduzidos nas dependências da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, no município de Seropédica-RJ e divididos em quatro etapas: 1º) estudo da divergência genética via marcadores morfológicos; 2º) avaliação dos melhores genótipos, identificados no primeiro experimento, em condições de campo; 3º) estudo da divergência genética via marcadores moleculares; e 4º) avaliação da viabilidade polínica. Na primeira etapa foi realizado o experimento para avaliação da divergência genética de 12 genótipos de *Cucurbita* spp. visando a seleção de 5 genótipos com melhor desempenho em relação as características morfológicas e de qualidade de fruto. Foi feita a análise de componentes principais e a distância Euclidiana Quadrática foi utilizada para obtenção da matriz de dissimilaridade. Os genótipos foram agrupados utilizando o método Hierárquico UPGMA (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Averages*), e a partir dessas análises 5 genótipos de melhor desempenho foram selecionados. As análises estatísticas foram realizadas no programa R 4.2.3. Na segunda etapa os 5 genótipos com melhor desempenho ('Híbrido F₁ Caserta', 'Abobrinha Bavette', 'Abobrinha Pádua', 'Abobrinha Redonda Clara' e 'Abobrinha de Tronco Branca') escolhidos a partir da etapa 1, foram avaliados em campo. Seis características morfológicas foram avaliadas e realizada a análise de variância (ANOVA). As médias foram comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. Na terceira etapa, 15 genótipos foram submetidos à análise molecular. Foi realizada a extração de DNA e as amostras submetidas a análise de PCR com marcadores moleculares do tipo SCoT (*Start Codon Targeted*). Foi estimada a divergência genética entre genótipos de *Cucurbita* spp. por meio da distância Binária de Sokal. Os genótipos foram agrupados por meio do método de Otimização de Tocher e do método Hierárquico UPGMA. Essas análises estatísticas foram realizadas no programa Genes. Na quarta etapa foi avaliada a viabilidade polínica de dois genótipos de *C. moschata* e dois de *C. pepo* em cinco períodos de armazenamento e na antese. A partir da análise de regressão e teste de Tukey a 5% de probabilidade. As análises estatísticas foram realizadas no programa RBio. Os dois primeiros componentes (PC 1 e PC 2) são capazes de explicar aproximadamente 71% da variação total disponível. No PC1 a %FM (porcentagem de flores masculinas) é a característica mais fortemente associada ao componente, seguida por %FF (porcentagem de flores femininas) com o valor negativo, explicando a alta correlação inversa. Pelo agrupamento UPGMA foram formados três grupos. Foram testados 8 primers, totalizando 89 bandas, onde 74 foram polimórficas (83%) e 15 monomórficas (17%). Pelo método de Otimização foram formados 8 grupos enquanto que pelo método de UPGMA foram formados 9 grupos. Em relação a viabilidade polínica não foram

observadas médias abaixo do ideal de 70%. Os resultados obtidos no presente estudo servirão como base para a escolha de genitores e para a realização de cruzamentos controlados entre genótipos de *Cucurbita* spp.

Palavras-chave: *Cucurbita maxima*; *Cucurbita moschata*; *Cucurbita pepo*.; caracterização morfológica; marcadores moleculares.

ABSTRACT

SILVA, Gabriele Dias da. **Morphological descriptors and SCoT markers in the assessment of genetic divergence among *Cucurbita* spp. genotypes.** 2025. 76p. Dissertation (Master's in Crop Science). Institute of Agronomy, Federal Rural University of Rio de Janeiro, Seropédica, RJ, 2025.

Pumpkins and squashes belong to the Cucurbitaceae family; due to the family's high genetic variability, they are notable for producing fruits that are widely consumed in Brazil and around the world. The genetic divergence among pumpkins and squashes (*Cucurbita* spp.) is expressed through traits such as fruit size and weight; based on this diversity, genetic improvement programs aim to develop more productive cultivars that better meet consumer market needs. Thus, the objectives of this study were to characterize morphology, estimate genetic divergence among *Cucurbita* spp. genotypes, and evaluate pollen viability, with the aim of obtaining genotypes with superior productive performance and fruit quality. All experiments were conducted at the Federal Rural University of Rio de Janeiro in Seropédica, RJ, and were divided into four stages: 1) study of genetic divergence using morphological markers; 2) field evaluation of the best genotypes identified in the first experiment; 3) study of genetic divergence using molecular markers; and 4) evaluation of pollen viability. In the first stage, an experiment was conducted to assess the genetic divergence of 12 *Cucurbita* spp. genotypes, aiming to select the five genotypes with the best performance regarding morphological traits and fruit quality. Principal Component Analysis was performed, and Squared Euclidean Distance was used to generate the dissimilarity matrix. Genotypes were grouped using the UPGMA (Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Averages) hierarchical method, and the five best-performing genotypes were selected based on these analyses. Statistical analyses were performed using the R 4.2.3 software. In the second stage, the five best-performing genotypes ('Híbrido F1 Caserta', 'Abobrinha Bavette', 'Abobrinha Pádua', 'Abobrinha Redonda Clara', and 'Abobrinha de Tronco Branca'), selected from stage 1, were evaluated in the field. Six morphological traits were assessed, and an analysis of variance (ANOVA) was performed. Means were compared using Tukey's test at a 5% probability level. In the third stage, 15 genotypes underwent molecular analysis. DNA extraction was performed, and samples were subjected to PCR analysis using SCoT (Start Codon Targeted) molecular markers. Genetic divergence among *Cucurbita* spp. genotypes was estimated using Sokal's binary distance. Genotypes were grouped using Tocher's optimization method and the UPGMA hierarchical method. These statistical analyses were performed using the Genes software. In the fourth stage, pollen viability was evaluated for two *C. moschata* genotypes and two *C. pepo* genotypes across five storage periods and at anthesis, using regression analysis and Tukey's test at a 5% probability level. Statistical analyses were performed using the RBio software. The first two components (PC1 and PC2) explain approximately 71% of the total variation. In PC1, %MF (percentage of male flowers) is the trait most strongly associated with the component, followed by %FF (percentage of female flowers) with a negative value, explaining the high inverse correlation. Three groups were formed via UPGMA clustering. Eight primers were tested, yielding a total of 89 bands, of which 74 were polymorphic (83%) and 15 were monomorphic (17%). Eight groups were formed using the optimization method, whereas nine groups were formed using the UPGMA method. Regarding... Regarding pollen viability, no averages below the ideal 70% were observed. The results obtained in this study will serve as a basis for selecting parents and performing controlled crosses between *Cucurbita* spp. genotypes.

Key words: *Cucurbita máxima*; *Cucurbita moschata*; *Cucurbita pepo*; morphological characterization; molecular markers.

LISTA DE TABELAS

	Página
Tabela 1: Identificação dos doze genótipos avaliados (Seropédica, RJ, 2023).	16
Tabela 2: Resultado da análise de solo (Seropédica, RJ, 2024).	19
Tabela 3: Identificação dos quinze genótipos avaliados (Seropédica, RJ, 2023).	20
Tabela 4: Descrição dos primers SCoT utilizados.	21
Tabela 5: Identificação dos quatro genótipos avaliados (Seropédica, RJ, 2023).	24
Tabela 6: Estatística descritiva das quatorze características morfológicas de doze acessos de <i>Cucurbita</i> spp. (Seropédica, RJ, 2023).	29
Tabela 7: Valores médios das características dias até o florescimento (DF), dias até a colheita (DC) e comprimento do fruto (CF), circunferência do fruto (CIR), número de folhas (NF) e peso do fruto (PF) de 5 genótipos de <i>Cucurbita pepo</i> (Seropédica, RJ, 2024).	34
Tabela 8: Número de bandas, número de bandas polimórficas e porcentagem de polimorfismo dos <i>primers</i> utilizados.	35
Tabela 9: Distância Binária de Sokal entre 15 genótipos de <i>Cucurbita</i> spp.	37
Tabela 10: Agrupamento de Otimização de Tocher dos 5 genótipos de <i>Cucurbita</i> spp. utilizando a Distância Binária de Sokal.	39
Tabela 11: Porcentagem de grãos-de-pólen viáveis na abertura no botão floral e em 5 períodos de armazenamento do botão floral em pré-antese em dois genótipos de <i>Cucurbita pepo</i> e dois genótipos de <i>Cucurbita moschata</i> .	43

LISTA DE FIGURAS

Página

- Figura 1:** Frutos de variedades crioulas de abóboras ornamentais doadas por agricultores para o Banco Ativo de Germoplasma de Cucurbitáceas da Embrapa Clima Temperado. A) poronguinho (*Cucurbita pepo*), B) abóbora-ovo (*Cucurbita pepo*), C) abóbora estrela (*Cucurbita pepo*), D) abóbora cogumela (*Cucurbita maxima*). Pelotas, Embrapa Clima Temperado, 2010. **Fonte:** Adaptado de Fisher et al., (2016). 5
- Figura 2:** (A) à esquerda flor feminina e à direita flor masculina; (B) Flor masculina com destaque para as anteras com pólen e nectário. (C) Flor feminina com destaque para parte superior do estigma. Foto: Rosa Lía Barbieri. **Fonte:** Romano (2008). Adaptado. 9
- Figura 3:** Dados meteorológicos coletados do INMET (Instituto Nacional de Meteorologia). Estação: SEROPEDICA-ECOLOGIA AGRICOLA A601. Data de Referência: 13/06/2023 - 22/08/2023; referente ao período que o material ficou em campo. **Fonte:** INMET: Tempo, Inmet.gov.br, disponível em: < <https://bdmep.inmet.gov.br/> >. acesso em: 26 jul. 2024. 17
- Figura 4:** Dados meteorológicos coletados do INMET (Instituto Nacional de Meteorologia). Estação: SEROPEDICA-ECOLOGIA AGRICOLA A601. Data de Referência: 12/03/2024 - 21/05/2024; referente ao período que o material ficou em campo. **Fonte:** INMET: Tempo, Inmet.gov.br, disponível em: < <https://bdmep.inmet.gov.br/> >. acesso em: 26 jul. 2024. 19
- Figura 5:** Grãos de pólen de *Cucurbita* spp. corados com Lugol 1%. Os mais escuros são os grãos viáveis, enquanto os de coloração mais clara (marrom) são os não-viáveis. **Fonte:** Autor. 25

Figura 6: Frutos de alguns genótipos plantados no experimento de Divergência Genética. **Fonte:** Autor. 28

Figura 7: Diagrama de dispersão da análise de Componentes principais em representação gráfica do tipo biplot. 30

Figura 8: Dendrograma ilustrativo da análise de 12 genótipos de *Cucurbita* spp. após método UPGMA obtido através da Distância Euclidiana Quadrática no programa estatístico R.4.2.3. 1-‘Abobrinha de tronco caserta’; 2- ‘Abobrinha suspiro’; 3- ‘Abobrinha pádua’; 4-‘Abobrinha de tronco redonda’; 5-‘Abobrinha redonda clara’; 6- ‘Abobrinha de tronco branca’; 7- ‘Abobrinha tortuga’; 8- ‘Abobrinha Caserta Italiana’; 9- ‘Abobrinha de tronco redonda verde escura’; 10- ‘Abobrinha Bavette’; 11- ‘Abobrinha Caserta’; e 12- ‘Híbrido F1 caserta’. 32

Figura 9: Imagens do experimento no campo do Setor de Horticultura/Departamento de Fitotecnia/IA (Seropédica, RJ, 2024). **Fonte:** Autor. 33

Figura 10: Gel contendo a amplificação de bandas pós PCR com primer SCoT 30 (superior) e SCoT 14 (inferior). Fonte: Autor. 36

Figura 11: Dendrograma obtido pelo método Hierárquico de UPGMA utilizando a Distância de Binária de Sokal. ‘Abobrinha de tronco caserta’ (1); ‘Abobrinha suspiro’ (2); ‘Abobrinha pádua’ (3); ‘Abobrinha de tronco redonda’ (4); ‘Caipira’ (5); ‘Abobrinha redonda clara’ (6); ‘Abobrinha de tronco branca’ (7); ‘Abobrinha tortuga’ (8); ‘Abobrinha Zucchini’ (9); ‘Abobrinha Caserta Italiana’ (10); ‘Abobrinha de tronco redonda verde escura’ (11); ‘Abobrinha Bavette’ (12); ‘Abobrinha White Bush’ (13); ‘Abobrinha Caserta’ (14); ‘Híbrido F₁ caserta’ (15). 40

Figura 12: Porcentagem de grãos-de-pólen viáveis coletados de botões florais em estágio de pré-antese submetidos a 5 períodos de armazenamento (0h, 24h, 48h, 72h e 96h) em temperatura de 7°C de genótipos de *Cucurbita pepo* L. (A) ‘Híbrido F₁ 44

caserta'; (B) Genótipo 'Abobrinha Bréscia'. ** Significativo a 5% de probabilidade.

Figura 13: Porcentagem de grãos-de-pólen viáveis coletados de botões florais em estágio de pré-antese submetidos a 5 períodos de armazenamento (0h, 24h, 48h, 72h e 96h) em temperatura de 7°C de genótipos de *Cucurbita moshata*. (A) 'Menina brasileira' (17) e (B) 'Menina brasileira' (18). ** Significativo a 5% de probabilidade.

45

SUMÁRIO

	Página
1. INTRODUÇÃO	01
2. OBJETIVOS	03
2.1. Geral	03
2.2. Específicos	03
3. HIPÓTESE	03
4. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	04
4.1.Importância da cultura	04
4.2.Centro de origem e domesticação	06
4.3.Biologia floral	08
4.4.Diversidade genética e melhoramento genético vegetal	10
4.5.Marcadores moleculares na avaliação da divergência genética	13
5. MATERIAL E MÉTODOS	16
5.1. Divergência genética entre genótipos de <i>Cucurbita</i> spp. utilizando descritores morfológicos	16
5.2. Avaliação de genótipos no campo	18
5.3. Divergência Genética por meio de marcadores moleculares do tipo SCoT	20
5.4. Viabilidade polínica	24
6. RESULTADOS E DISCUSSÃO	26
6.1. Divergência genética entre acessos de <i>Cucurbita</i> spp.	26
6.2. Avaliação de genótipos no campo	32
6.3. Divergência genética via marcadores moleculares	35
6.4. Viabilidade polínica	41
7. CONCLUSÃO	46
8.REFERÊNCIAS	47

1. INTRODUÇÃO

As abóboras, abobrinhas e morangas (*Cucurbita* ssp.) pertencem à ordem Cucurbitales e à família *Cucurbitaceae*. As espécies com maior expressividade no Brasil são a *C. pepo*, *C. moshata* e *C. maxima*, e estão associadas principalmente ao estudo do melhoramento genético (CARDOSO *et al.*, 2016). As diversas nomenclaturas comerciais de genótipos cultivados tornam impossível a determinação da contribuição de cada subespécie na produção total, porém, se sabe que as que se destacam economicamente são: *C. moschata*, *C. maxima*, *C. pepo* subsp. *pepo* e *C. pepo* subsp. *ovifera* (DOS SANTOS *et al.* 2024).

Devido a sua diversidade genética e ampla distribuição, principalmente no Brasil, essas olerícolas da família *Cucurbitaceae* se tornaram fundamentais, tanto na alimentação, quanto para a economia do país. Os frutos dessa cultura, se expressam das mais variadas formas, tamanhos e coloração são facilmente adaptáveis à quase todas as condições de cultivo no Brasil, se tornando assim socioeconomicamente crucial para agricultura familiar, principalmente do Nordeste, que se destaca na produção de abóboras (BORGES *et al.*, 2011; GOMES, 2017).

A manutenção de características da cultura selecionadas ao longo dos anos é de extrema importância, pois muitas trocas e técnicas de seleção são aprimoradas com o passar do tempo e vão se adaptando para melhor responder às necessidades de quem cultiva e quem consome. É necessário que as características fundamentais de uma determinada espécie, como sua rusticidade, número de sementes, resistência a patógenos ou doenças estejam conservadas e disponíveis para possível estudo de melhoramento genético vegetal. Nesse sentido houve necessidade da criação de Bancos de Germoplasma Vegetal. O objetivo desses bancos é conservar a diversidade genética, documentar, preservar e promover o intercâmbio de germoplasma vegetal. Como exemplos, temos o Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH-UFV), fundado com esse intuito de preservação e que mantém cerca de 350 acessos de *Cucurbita* (SILVA *et al.*, 2001; GOMES, 2017). A nível local, o Grupo de Pesquisa em Genética e Melhoramento Vegetal (GPGMV) da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ) iniciou uma coleção de *Cucurbita pepo*, *C. moshata* e *C. máxima* neste presente estudo.

Existe uma constante necessidade de se produzir mais e com melhor qualidade. Fatores como tamanho do fruto, coloração da casca, sabor, quantidade de nutrientes são importantes e definem se uma cultivar é aceita no mercado ou não. A maior parte da produção de sementes no

Brasil se dá por polinização aberta. A expressividade na produção de híbridos acontece apenas na espécie *C. pepo*. Apesar disso, existem esforços para estudo de outras espécies e inserção delas nos programas de melhoramento genético. Nesse sentido, os programas de melhoramento genético vegetal têm se dedicado ao estudo de espécies com o intuito de se obter material genético superior através da obtenção de híbridos. Sendo assim, a técnica permite o cruzamento entre genótipos com características complementares e que sejam produtivos (GUSSON *et al.*, 2006; MIRANDA, 2015).

A utilização de cultivares adaptadas é a chave para o sucesso na produção. Dessa forma, o melhoramento genético de *Cucurbita* com o intuito de se obter novas cultivares pode ser dividido em quatro grandes segmentos, de acordo com a espécie: *C. moshata* (frutos maduros- abóboras e imaturos- abobrinhas), *C. pepo* (frutos imaturos- abobrinha-de-moita), *C. maxima* (frutos maduros- morangas) e o híbrido interespecífico *C. maxima* x *C. moshata* (frutos maduros- abóbora tipo Tetsukabuto) (CARDOSO *et al.*, 2016).

Alguns estudos já comprovam que a viabilidade polínica e a quantidade de grãos de pólen que chegam ao estigma podem influenciar no sucesso da frutificação, inclusive gerando impactos econômicos na produtividade (NACHBAR *et al.*, 2012). Por isso, é importante o aprofundamento no estudo da viabilidade polínica objetivando o melhoramento de plantas. Isso porque a eficácia desses cruzamentos depende diretamente da viabilidade dos grãos de pólen e da receptividade estigmática (LIMA *et al.*, 2016; SOARES *et al.*, 2016). Segundo NEPI e PACINI (1993) a viabilidade dos grãos de pólen em abóboras é de, aproximadamente, 92% no momento em que as flores se abrem, 75% quando elas se fecham e apenas 10% no dia seguinte à abertura da flor, comprovando assim a necessidade de a polinização ser eficiente, pois a viabilidade e a receptividade estigmática não são prolongadas

2. OBJETIVOS

2.1. Geral

O presente estudo tem como objetivos estimar a divergência genética por meio de descritores morfológicos e marcadores moleculares SCoT e avaliar a viabilidade polínica de genótipos de *Cucurbita* spp.

2.2. Específicos

- i) Avaliar e comparar características morfológicas e de fruto de genótipos de *Cucurbita* spp.;
- ii) Avaliar e estimar a divergência genética entre genótipos a de *Cucurbita* spp. em relação a características morfológicas;
- iii) Selecionar os genótipos com melhor desempenho quanto a qualidade do fruto para a avaliação em campo;
- iv) Avaliar e estimar a divergência genética entre genótipos a de *Cucurbita* spp. via marcadores moleculares do tipo *Start Codon Targeted* (SCoT);
- v) Avaliar a viabilidade polínica de dois genótipos de *Cucurbita pepo* e dois de *Cucurbita moshata* em cinco períodos de armazenamento do grão-de-pólen e na antese nas condições climáticas de Seropédica-RJ;

3. HIPÓTESE

Há diferenças em relação a características de fruto entre diferentes tipos de genótipos de *Cucurbita* spp. Existe divergência genética em relação a características morfológicas e de qualidade de fruto entre genótipos de *Cucurbita* spp. Os genótipos de *Cucurbita moshata* e *Cucurbita pepo* são capazes de manter a viabilidade polínica em diferentes períodos de armazenamento.

4. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

4.1.Importância da cultura

A família das Cucurbitáceas é uma das mais ricas famílias botânicas, compreendendo uma grande variedade de espécies. No Brasil, há aproximadamente 30 gêneros e 200 espécies descritas (HORA *et al.*, 2018). De acordo com Esquinas-Alcazar e Gulick (1983), o continente Africano, bem como a Ásia e as Américas são berço de origem das espécies domesticadas pelo homem. que são as representantes da família *Cucurbitaceae*. Temos então as abóboras (*Cucurbita moschata*), abobrinha italiana (*Cucurbita pepo*), pepino (*Cucumis sativus*), melancia (*Citrullus lanatus*), melão (*Cucumis melo*).

A importância das cucurbitáceas se dá pelo seu valor nutricional e, também, comercial tendo em vista a crescente demanda por produtos mais saudáveis e ricos em fibras, vitaminas, sais minerais, carotenoides e compostos fenólicos (AMARIZ, 2011). As abóboras são ricas em vitamina A, é também fonte de fibras e minerais, principalmente manganês e potássio. Apresenta uma vasta possibilidade de uso na alimentação que vai desde o consumo *in natura* de seus frutos e sementes até a fabricação de doces, sucos, pães (com as sementes), geleias e outros produtos industrializados (LANA, 2010).

Além da alimentação, podemos destacar também a exploração comercial do fruto para fins ornamentais, medicinais, aromáticos ou como fonte de matéria-prima para produção de outros produtos (GARCIA, 2015). Há uma forte influência cultural no cultivo específico de determinadas variedades crioulas que são selecionadas a partir de critérios que objetivam ornamentação. Algumas características como tamanho, geralmente os menores, são mais aceitos para fins decorativos com formato bem definido (oval, formato Pêra), cor do fruto, cores da casca, listras bem definidas. Entre exemplos para fins ornamentais podemos destacar a *Curcubita pepo* (abobrinha) como enfeite de cozinha (Figura 1A), *C. pepo* (estrela/dedo) para enfeitar a casa (Figura 1B-C) e *C. pepo* para ornamento de árvore de Natal (Figura 1D) (FISCHER *et al.*, 2016).



Figura 1: Frutos de variedades crioulas de abóboras ornamentais doadas por agricultores para o Banco Ativo de Germoplasma de Cucurbitáceas da Embrapa Clima Temperado. A) poronguinho (*Cucurbita pepo*), B) abóbora-ovo (*Cucurbita pepo*), C) abóbora estrela (*Cucurbita pepo*), D) abóbora cogumela (*Cucurbita maxima*). Pelotas, Embrapa Clima Temperado, 2010. **Fonte:** Adaptado de Fisher et al., (2016).

Segundo dados da Organização das Nações Unidas para a Alimentação e a Agricultura do ano de 2023 (FAOSTAT, 2023), a China se destacou como maior produtora de abóboras, com aproximadamente 5.492.389 t, o que correspondeu a 19,86% da produção mundial. O segundo maior produtor foi a Índia, com produção estimada em 4.179.570 t, cerca de 15,11% da produção mundial e, em terceiro lugar, a Rússia com aproximadamente 959.276 t e correspondendo a 3,47% da produção mundial.

No Brasil, há poucas informações referentes a produção específica de abóboras e abobrinhas, no entanto, de acordo com dados do Censo Agropecuário 2017, a área plantada de abóbora no Brasil gira em torno de 3.700 hectares e a produção em cerca de 60 mil kg, no Estado de São Paulo. A colheita ocorre o ano todo no país e a demanda é restrita ao mercado interno, com pico na estação do inverno, sendo a região nordeste a maior consumidora de abóboras. O Brasil ocupa o 52º lugar da produção mundial de cucurbitáceas e dentre as regiões do Brasil, quando analisado a área total colhida de abóboras, morangas e jerimuns, a região Nordeste se destaca como maior produtor também, com cerca de 45.909 hectares colhidos. A agricultura familiar assegura a maior parte do volume de produção de cucurbitáceas, principalmente de abóboras, melancias e abobrinhas (RESENDE *et al.*, 2013) e também abastece as feiras, onde há maior procura por frutos de abóboras e abobrinhas.

No Rio de Janeiro, os dados de produção mais recentes para abóboras, morangas e jerimuns indicam uma área colhida de 1.134 hectares; 2.053 estabelecimentos agropecuários, sendo: Paraty, Campos dos Goytacazes e Pirai os três maiores em número de estabelecimentos: 177, 156 e 151 respectivamente; quantidade produzida de 6.391 toneladas e valor da produção em aproximadamente R\$6.141,884 (x1000) (AGRO, 2017).

4.2. Centro de origem e domesticação

As espécies do gênero *Cucurbita* são originárias de região de clima tropical, que suportam altas temperaturas e toleram clima ameno. As Américas são o berço das espécies de abóboras, morangas e abobrinhas. Algumas espécies que conhecemos hoje tem sua origem já estudada e comprovada, como no caso da *C. moshata* (abóbora) que tem origem na América do Norte, na região central do México. Já na América do Sul há mais uma espécie muito conhecida e utilizada até os dias atuais, a espécie *C. maxima* (moranga) originária das regiões que abrangem o sul do Peru, a Bolívia e o norte da Argentina. Pode-se afirmar então, que séculos antes da chegada dos portugueses no Brasil já existia a domesticação e o cultivo dessas espécies por povos originários dessas regiões entre as Américas (FILGUEIRA, 2013).

Fora das Américas acredita-se que na virada do século XVI (ano 1501 aproximadamente) as abóboras e abobrinhas tenham sido dispersas para outras partes do mundo a partir de viagens transoceânicas e, dado sua característica polimórfica e grande variedade de uso, tenha se tornado uma cultura importante em muitos países para alimentação e decoração (PARIS *et al.*, 2006).

Em 1542 foram apresentadas as primeiras imagens de *Cucurbita* fora das américas. Visto que as viagens de exploração ao “Novo Mundo”, como foi denominado pelos europeus, ocorreram aproximadamente na época de 1500, foi possível traçar um paralelo entre a informações, principalmente porque os Portugueses chegaram ao Brasil nessa época, e como mencionado anteriormente já existia a prática de produção da cultura e consumo desses frutos, não é errôneo pensar que aproximadamente 50 anos depois haveriam relatos desses frutos no continente Europeu (STURTEVANT, 1890; ZHITENEVA, 1930; WHITAKER, 1947; EISENDRATH, 1961; PARIS, 1989, 2001; MEYER *et al.*, 1999; TEPPNER, 2000; PARIS *et al.*, 2006).

A domesticação de *Cucurbita* está associada à origem da agricultura e das civilizações humanas. Se encontram no grupo das primeiras espécies de plantas a serem domesticadas tanto

no “Velho” como no “Novo Mundo”. Registros arqueológicos do “Novo Mundo” sugerem isso (BISOGNIN, 2002; NEE, 1990).

Muitas espécies foram sendo cultivadas e propagadas de maneira informal. Existe uma enorme diversidade genética dentro da família. Logo, a gama de adaptação para espécies de *Cucurbita* inclui regiões tropicais e subtropicais, desertos áridos e locais temperados. Com o passar do tempo essas espécies foram sendo selecionadas de acordo com as condições climáticas, seleção de frutos maiores, com maior número de sementes e até pela coloração alaranjada (WAN SHAFIIN *et al.*, 2020). Os três primeiros grupos identificados por autores europeus são: grupo *C. pepo*, que inclui as espécies *C. pepo*, *C. moschata*, *C. maxima* e *C. argyrosperma*; o grupo *C. veruscosa* e o grupo *C. melo*, que são as abóboras recortadas (ARUAH *et al.*, 2010).

A diversidade que encontramos no território brasileiro hoje quanto a culinária, variedade de hortaliças, frutos, cereais, entre outros, é fruto de uma intensa migração de diferentes povos para o Brasil. Após a independência do Brasil em 1822, além dos povos originários brasileiros que já domesticavam e cultivavam espécies de cucurbitáceas, os povos de origem africana que foram trazidos para o Brasil durante o período da escravidão e imigrantes europeus, como italianos e alemães, no século XIX, que vieram morar no Brasil, tiveram expressivo impacto na domesticação de espécies da família Cucurbitácea. Os imigrantes europeus, por exemplo, trouxeram sementes de suas próprias seleções de abóboras e contribuíram para expansão no cultivo de espécies de cucurbitáceas no território brasileiro (LIMA *et al.*, 2016). E, de acordo com a realidade e preferência cultural de cada país de origem, foram selecionando e domesticando as cultivares. O maior número de variedades crioulas em cultivo no país é das espécies *C. maxima* e *C. moschata* (BARBIERI, 2012). *C. maxima* foi a única espécie cultivada com distribuição nativa restrita à América do Sul, nas áreas temperadas quentes do Uruguai e da Argentina (BISOGNIN, 2002).

A maioria dos frutos como abóboras, abobrinhas e morangas que é consumido na atualidade sofreram mudança nas suas características morfológicas com o passar dos anos. Principalmente quando o objetivo é atender às preferências de mercado e produtividade, a domesticação e seleção de características das plantas, como tamanho do fruto, redução de sementes e, principalmente, redução do amargor da polpa, são essenciais para que os produtos sejam comercialmente interessantes e atendam a demanda de mercado. As cucurbitáceas ainda

hoje representam importante fonte de alimento de subsistência em regiões com menores recursos financeiros, devido à baixa exigência em cuidados (GALERIANI *et al.*, 2020).

4.3.Biologia floral

As cultivares de *Cucurbita* são plantas de ciclo anual, que apresentam hábito de crescimento indeterminado, alternando entre espécies de moita e espécies com caule herbáceo rastejante, pubescente, de coloração verde escura e provido de gavinhas e raízes adventícias que auxiliam na fixação da planta (FILGUEIRA, 2013). As folhas são em geral grandes, palmadas e pubescentes (ROMANO *et al.*, 2008). A maioria delas são mesófitas (plantas que vivem em ambientes úmidos) e possuem sistemas radiculares fibrosos (PARIS, 2001).

Com relação a biologia floral das espécies de cucurbitácea, o hábito de florescimento é na maioria das cultivares, monoico, produzindo no mesmo indivíduo gametas masculinos e femininos com flores unissexuais, havendo substancial predominância de flores masculinas sobre as femininas. As flores são amarelas, grandes e vistosas (Figura 2A) (FILGUEIRA, 2013). Há algumas exceções com relação a unissexualidade em abóboras e abobrinhas, por exemplo, a moranga (*C. maxima*) que pode ser dióica ou hermafrodita e suas flores dioicas se abrem por um dia (FILGUEIRA, 1987).

Outro ponto muito importante a se destacar é a influência ambiental sobre a expressão sexual nas plantas de *Cucurbita*. Estudos observaram que dias longos e temperaturas elevadas contribuem para a formação de flores masculinas, enquanto dias curtos e temperaturas mais baixas favorecem a formação de flores femininas (CARDOSO *et al.*, 2016).

As flores de *Cucurbita* spp. são amarelas e, o período que compreende desde a antese até a senescência têm duração de apenas algumas horas e ocorrem de maneira geral na mesma faixa de horário, sendo a abertura das flores ao amanhecer e o fechamento entre o final da parte da manhã e antes do início da tarde, que são as horas mais quentes do dia. Nas flores femininas, o ovário súpero é bem destacado (Figura 2B) com pistilos longos, e produz néctar, que se torna um recurso importante na polinização (TOREZANI, 2017). Aspectos da biologia floral feminina como cor, tamanho da flor, odor, produção de néctar e, das flores masculinas (Figura 2C) como produção de pólen, tamanho e aderência dos grãos de pólen, são determinantes no processo de polinização (NICODEMO *et al.*, 2007).

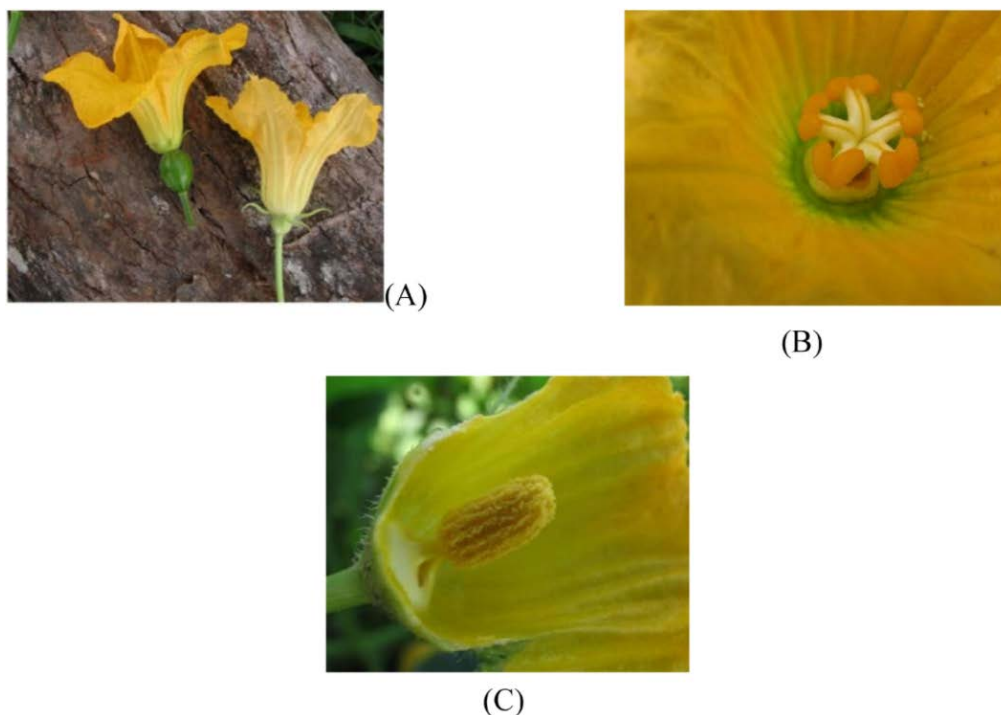


Figura 2: (A) à esquerda flor feminina e à direita flor masculina; (B) Flor masculina com destaque para as anteras com pólen e nectário. (C) Flor feminina com destaque para parte superior do estigma. Foto: Rosa Lía Barbieri. **Fonte:** Romano (2008). Adaptado.

Nas flores femininas o tempo que os estigmas ficam receptivos muda muito dependendo da espécie, da condição de temperatura e umidade. Segundo NICODEMO *et al.*, (2007) é possível estimar se o estigma foi receptivo aos grãos de pólen, em média, até às 13h40, sendo a abertura das flores a partir de 4:30, horário esse que também está condicionado ao nascer do sol, condições de latitude, longitude e época do ano. Podendo ter abertura de flores até às 6:30 da manhã (MELO *et al.* 2010).

Os maiores e mais especializados polinizadores para *Cucurbita* são as abelhas, especificamente as abelhas *Apis melífera* e *Trigona ruficus* (LOPES e CASALI, 1982). Esses insetos são atraídos pelo néctar produzido pelas flores. Para SERRA (2007) a qualquer momento que a flor for visitada por um potencial polinizador, com uma grande quantidade de pólen, sendo eles viáveis e de mesma espécie, grandes são as chances de ela ser fecundada.

Nas plantas da família *Cucurbitacea* a fecundação ocorre de maneira cruzada. O pólen produzido nas anteras das flores masculinas precisa ser levado até o estigma das flores

femininas, ou seja, é obrigatório a atuação de um agente polinizador para que ocorra a fecundação (NICODEMO *et al.*, 2007).

O cruzamento controlado permite a escolha dos progenitores e realizar cruzamentos específicos, maximizando os ganhos e disponibilizando genótipos superiores (SILVA *et al.*, 2012). Na polinização controlada as flores femininas são identificadas antes da antese para que haja a proteção da flor antes do contato com insetos que naturalmente a polinizariam. Geralmente é feito uma técnica de amarrinho das pétalas, ou proteção com cartolina. Assim, a polinização acontece manualmente com grãos de pólen da flor masculina da planta paterna (CARDOSO *et al.*, 2016). No melhoramento convencional são utilizadas técnicas de acordo com o modo de reprodução da espécie, ou seja, autopolinização, polinização cruzada ou propagação clonal (ACQUAAH, 2015; WAN SHAFFIN *et al.*, 2020).

4.4.Diversidade Genética e Melhoramento Genético Vegetal

O Brasil é o país com maior diversidade genética vegetal do mundo, com cerca de 55.000 espécies catalogadas de um total estimado entre 350.000 e 550.000 espécies (SANDES & Di BIASI, 2000). O gênero *Cucurbita* é formado por 24 espécies, sendo que cinco dessas espécies são domesticadas: *C. argyrosperma*, *C. ficifolia*, *C. maxima*, *C. moschata* e *C. pepo* e possuem ampla diversidade genética. A diversidade das espécies do gênero *Cucurbita*, especialmente *C. moschata* e *C. maxima* muito estão ligados a fatores anteriormente citados como a domesticação dessas variedades por indígenas, seleção pela agricultura familiar com hábito de seleção das melhores espécies a partir de características morfológicas e troca de sementes entre si (LIRASAADE, 1995 citado por FERREIRA, 2008; D PRIORI *et al.*, 2013). A variância genética está relacionada a quão distantes geneticamente é uma população e se associa com a herdabilidade, como forma de determinar a proporção da variação fenotípica que é de origem genotípica. A variabilidade genética é importante, pois, através dela é possível escolher, por exemplo, indivíduos geneticamente distantes para um cruzamento, contribuindo assim para ampliação da variância genética nas populações segregantes (BRAMMER, 2002).

É necessário destacar a importância da manutenção de variedades crioulas, pois elas apresentam elevada variabilidade genética, incluindo genes de tolerância a estresses bióticos e abióticos e são essenciais como recurso genético para o melhoramento genético vegetal. Infelizmente, poucos estudos se dedicam a esse germoplasma de variedades crioulas. Porém, sabe-se que ele oferece possibilidades interessantes para o desenvolvimento de novas cultivares

com características de produção desejáveis, como resistência a doenças, produtividade e qualidade nutricional dos frutos (TORRES FILHO, 2008; LIMA, 2013; PRIORI *et al.*, 2013).

No geral, as variedades tradicionais são menos produtivas que as cultivares híbridas, porém, são altamente adaptadas às condições específicas de cultivo que estão inseridas e também são um repositório muito significativo de genes importantes para resistência à seca e pragas, por exemplo. Por outro lado, as variedades crioulas estão sob risco de erosão genética em diferentes ambientes, por isso é fundamental a conservação dos recursos genéticos, e uma das etapas é a coleta de informações sobre a diversidade genética das espécies-alvo (DJÉ *et al.*, 2006; SANTOS *et al.*, 2012).

Com o intuito de desenvolver cultivares mais produtivas e que respondam melhor às características de mercado como: sabor, textura e cor da polpa, são desenvolvidos os programas de melhoramento vegetal de espécies de abóbora. De maneira geral, os objetivos do melhoramento de abóboras são direcionados à obtenção de cultivares uniformes, de cavidade pequena, polpa com alto brix e matéria seca e de coloração alaranjado intenso, com pouca ou nenhuma fibra, de ramas compactas, alto rendimento e resistente as pragas e doenças (RAMOS *et al.*, 1999).

Nos programas de melhoramento genético, pode-se destacar como principais as etapas de caracterização e avaliação, pois são nelas que há a identificação da variabilidade genética dos acessos armazenados na coleção e, com isso, é possível identificar genótipos promissores para o melhoramento (MOURA, 2003; PRIORI *et al.*, 2013). Nesse sentido, é necessário também conhecer a natureza e a magnitude das correlações entre os caracteres de interesse. No geral, os programas de melhoramento genético para uma determinada espécie avaliam as correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais existentes entre os caracteres. Características fenotípicas são resultantes da interação genotípica e ambiental, assim apenas a porção genotípica é comumente empregada para orientar programas de melhoramento, justamente por ser a única de natureza herdável (FERREIRA *et al.*, 2003).

É fundamental no melhoramento genético vegetal o conhecimento de parâmetros genéticos como herdabilidade, componente de variabilidade genotípica e índice de variação. Esses parâmetros orientam o melhorista para a escolha do método de melhoramento mais adequado à cultura, maximizando ganhos com seleção (CRUZ & REGAZZI, 2001; BLANK *et al.*, 2013). Dentre esses parâmetros genéticos, o coeficiente de herdabilidade é considerado como um dos mais importantes, pois indica a proporção da variância fenotípica atribuída ao

efeito médio dos genes e seu papel preditivo, por expressar a confiabilidade do valor fenotípico como guia para selecionar um valor genético (RUIZ *et al.*, 2004; BLANK *et al.*, 2013).

Outro ponto fundamental é entender o conceito de estimativa de distâncias genéticas, sabendo que para um programa de melhoramento genético ser bem-sucedido é necessário a existência de variabilidade na população em que se está trabalhando. Sendo assim o objetivo inicial é identificar quais os indivíduos mais diferentes (dissimilares) entre si a partir da expressão de suas características agrônômicas, morfológicas, moleculares e outras mais que possam ser avaliadas e comparadas. Essa dissimilaridade é expressa em medidas que são obtidas a partir de variáveis de natureza quantitativa, qualitativa, binária ou multicategóricas. A partir disso essas distâncias são calculadas a partir de diferentes métodos matemáticos. Estimar essa distância é importante em estudos de diversidade genética, pois, a escolha de genitores com maior grau de divergência indica altas chances de estimativa de divergência, e assim apresentarem genes complementares e maior heterose na F_1 (CRUZ *et al.* 2012).

É importante que todos os principais métodos sejam conhecidos, para que seja escolhido aquele que mais se adeque às características do estudo. Se forem avaliadas variáveis quantitativas, os principais métodos são: *Distância Euclidiana*, *Distância Euclidiana Média* e *Distância de Mahalanobis*, sendo esta última a mais utilizada nos últimos anos por oferecer informações também sobre a contribuição de um ou mais caracteres para a divergência genética entre os acessos estudados (CRUZ *et al.* 2012).

As técnicas de agrupamento são importantes principalmente quando o trabalho é realizado com um grande número de acessos, desse modo é impossível a obtenção de informações a respeito da similaridade ou dissimilaridade entre os acessos apenas olhando um a um. Foi desenvolvido então técnicas de agrupamento, dentre elas as mais utilizadas para estudos genéticos são os métodos hierárquicos como: UPGMA que visa agrupar aos pares os genótipos a partir das médias aritméticas das medidas de dissimilaridade formando grupos com os mais similares; Vizinheiro mais próximo e Vizinheiro mais distante, que trabalham formando grupos aos pares e levando em consideração o menor elemento do conjunto e maior elemento do conjunto, respectivamente; os métodos de agrupamento por otimização, sendo o principal o método de Tocher, que identifica o par de indivíduos mais similares, cria o primeiro grupo e após cálculo da média intragrupo avalia a entrada de novos indivíduos no grupo. A distância média intragrupo tem que ser menor que a distância média intergrupo (CRUZ *et al.* 2012).

A variabilidade genética contribui para as diferentes cultivares existentes no mercado atualmente. Abóboras e abobrinhas oriundas de polinização aberta ou híbridos F₁ predominam o mercado. Os principais grupos de abóboras e abobrinhas disponíveis para o cultivo são: Butternut, Caserta, Exposição Coroa, Goianinha, Jacarezinho, Maranhão, Menina Brasileira, Mogango, Paulistinha, Sergipana, Redonda de moita e Tetsukabuto (HORA *et al.*, 2018). Segundo dados da Companhia de Entrepósitos e Armazéns Gerais de São Paulo (CEAGESP), em 2016, a Abobrinha italiana predominava o mercado, com cerca de 55,1% das notas fiscais, em segundo lugar a Abobrinha brasileira com 12,5%, a clarita (1,6%) e a alanis (0,2%).

Cruzamentos intraespecíficos têm sido realizados entre diferentes espécies visando a transferência de características desejáveis. No melhoramento de *C. pepo* esse tipo de cruzamento está sendo muito utilizado visando a introgressão de genes de resistência e outras características importantes. Em *C. moschata* há relatos da aplicação desses cruzamentos para uso da espécie como genitora para transferir certos caracteres selvagens desejáveis entre espécies cultivadas, como resistência a doenças (“mofo pulverulento” e “vírus do mosaico do pepino”) e entre *C. martinii* para *C. pepo* para qualidade de fruto e resistência à insetos. A identificação de espécies que servem de “ponte gênica” possibilita um maior uso de genitores selvagens no melhoramento genético e facilitará a introgressão de genes, propiciando um potencial aumento no uso de hibridação interespecífica no desenvolvimento de novos cultivares (COLOMBARI FILHO, 2006).

O retrocruzamento é o método mais utilizado para incorporação de característica mono ou oligogênicas num cultivar ou linhagem e também quando se deseja eliminar características indesejáveis. Um bom exemplo em *Cucurbita* spp. é o do cultivar Piramoita que, de acordo com a literatura, inicialmente partiram de cruzamentos entre os cultivares de duas espécies: *C. pepo* e *C. moschata* com o propósito de incorporar o gene Bu (planta moita) em *C. moschata*, posteriormente foram realizados ciclos de retrocruzamento com o cultivar Menina Brasileira (*C. moschata*) até recuperar as características desejáveis, entre elas tolerância às principais viroses, formato e cor de fruto (CARDOSO *et al.*, 2016).

4.5. Marcadores moleculares na avaliação da divergência genética

Um dos maiores desafios de um programa de melhoramento genético de qualquer espécie é a identificação e seleção dos genitores, aqueles que serão utilizados como fonte de

características de interesse aos melhoristas visando atingir o objetivo do programa. A estimação da divergência genética entre os acessos utilizados é uma etapa crucial, pois sem o conhecimento da variabilidade genética não é possível atingir progresso no processo de melhoramento (BERED *et al.*, 1997; BARBOSA NETO, 1995).

Nesse sentido, a partir da década de 80 as técnicas de genética molecular visando o estudo, identificação, caracterização e mapeamento genético se tornaram mais utilizadas como ferramenta no processo de identificação de indivíduos, tendo como referência suas diferenças genéticas e contribuir então para a avaliação da divergência genética (BERED *et al.*, 1997). A utilização desses marcadores possibilita então a seleção e novos cruzamentos entre uma mesma geração, aumentando assim a eficiência de um programa de melhoramento (CARDOSO *et al.*, 2007) e a aplicação da técnica no melhoramento de plantas resultou em aumento significativos de produtividade em culturas importantes (AHMAD *et al.*, 2017).

Os marcadores moleculares são definidos segundo Ferreira e Grattapaglia (1998) como todo e qualquer fenótipo molecular oriundo de um gene expresso ou de um segmento específico de Ácido Desoxirribonucleico (DNA). Os marcadores genéticos estão enquadrados em três categorias: marcadores morfológicos, marcadores bioquímicos e marcadores moleculares.

Atualmente existem várias técnicas de genética molecular que são utilizadas de acordo com a finalidade e realidade de cada laboratório. A técnica de PCR (*Polymerase Chain Reaction*) possibilitou mais uma opção ao uso de marcadores moleculares a partir da síntese enzimática de um segmento específico de DNA na presença da enzima DNA polimerase e uso de primers, que podem ser específicos ou não. As etapas da PCR consistem em três diferentes temperaturas que possibilitam a desnaturação do DNA genômico, o anelamento do DNA aos primers e a extensão dos fragmentos do DNA. Ao reproduzir esse processo em cadeia, o produto desta PCR é um conjunto de DNA copiados milhares de vezes, ou seja, amplificados. A partir desse resultado é possível observar a formação de bandas polimórficas em gel de agarose após submetidos a eletroforese (FERREIRA & GRATTAPAGLIA, 1998; CARDOSO *et al.*, 2007)

Os marcadores moleculares de DNA podem ser do tipo dominantes, quando permite a identificar presença ou ausência de diferentes formas de um alelo, ou do tipo codominantes, quando é possível a distinção entre homozigotos e heterozigotos. Os marcadores do tipo RAPD (*Random amplified polymorphic DNA*) e AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*), que são marcadores dominantes devido ao fato de detectarem polimorfismo genético de natureza binária, detectando ausência ou presença do segmento de DNA/ RNA amplificado. Como

desvantagem, esses marcadores não são capazes de diferenciar homozigoto dominante de heterozigoto nos loci (FERREIRA & GRATTAPAGLIA, 1998; CARVALHO *et al.*, 2009). Segundo Collard *et al.*, (2008) também possuem baixa reprodutibilidade e podem não estar associadas a regiões gênicas.

Marcadores como os do tipo RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*), que são fragmentos de DNA obtidos a partir de enzimas de restrição, nessa técnica, diferentemente dos citados anteriormente, os marcadores são codominantes e possuem alta reprodutibilidade, porém sua desvantagem consiste na dificuldade de obtenção de grandes quantidades de DNA em boa qualidade e também na necessidade de equipamentos e técnicas específicas para cada etapa, tornando o processo caro e oneroso (TANKSLEY, 1983; NEALE & WILLIAMS, 1991; FERREIRA & GRATTAPAGLIA, 1998; FALEIRO, 2007).

Os marcadores ISSR (*Inter simple sequence repeat*) são muito utilizados na análise molecular, e segundo FALEIRO (2007) os ISSR são constituídos de fragmentos de DNA amplificados via PCR por um único primer construído a partir de sequência de microssatélites, sendo sua principal vantagem a formação de grande número de bandas por reação e a principal desvantagem a dominância dos marcadores. Esse tipo de marcador se destaca na estimativa da diversidade genética, são eficazes na detecção de polimorfismo, são abundantes no genoma e reprodutíveis entre laboratórios (SANTANA *et al.*, 2011; CHAGAS *et al.*, 2015).

Os marcadores do tipo SCoT (*Start Codon Targeted*), assim como os marcadores RAPD, indicam marcadores dominantes. Este tipo de marcador surgiu pela necessidade de novos sistemas de marcadores que fossem eficientes e facilmente replicáveis em outros laboratórios. Sua principal característica é utilizar a região conservada curta em genes de plantas ao redor do códon de iniciação de tradução ATG, ou seja, um único primer é usado como primer direto e reverso (GUPTA *et al.*, 1994; WILLIAMS *et al.*, 1990; COLLARD *et al.*, (2009). Se difere de RAPD, AFLP e ISSR, por ser um marcador direcionado a genes que é capaz de proporcionar mais informações a respeito das características biológicas quando comparado com marcadores de DNA aleatórios (LUO *et al.*, 2010).

Alguns trabalhos que utilizaram o marcador molecular SCoT obtiveram resultados muito promissores quanto a análise da diversidade genética entre espécies. No estudo conduzido por Magnago *et al.*, (2023) visando a análise de diversidade genética entre espécies do gênero *moringa*, com a utilização de 10 marcadores do tipo SCoT foi possível identificar 85 *amplicons*, com ampla informação e alto polimorfismo, sendo apenas um dos marcadores abaixo de 100%.

5. MATERIAL E MÉTODOS

5.1. Divergência genética entre genótipos de *Cucurbita* spp. utilizando descritores morfológicos

Nesta etapa foi efetuada a caracterização de 12 genótipos de *Cucurbita* spp. (Tabela 1), que são cultivares comerciais. O experimento foi conduzido no Setor de Grandes Culturas, Departamento de Fitotecnia, Instituto de Agronomia, UFRRJ, Seropédica-RJ. O município de Seropédica situa-se entre as coordenadas 22° 44' 38" de latitude sul, 43° 42' 28" de longitude oeste, a uma elevação de 26 metros do nível do mar. A temperatura média anual é de 24 °C e a precipitação média de 1.260 mm (Tabela 1). Os registros de precipitação (mm), temperaturas (°C) mínima, média e máxima durante a condução do experimento foram apresentados na Figura 3. O plantio foi realizado no dia 13 de junho de 2023 em vasos de 18 L, sendo o cultivo conduzido em ambiente aberto. Foi realizado o plantio de dois vasos de cada genótipo.

Tabela 1: Identificação dos doze genótipos avaliados (Seropédica, RJ, 2023).

Número	Tipo	Procedência	Espécie
1	‘Abobrinha de tronco caserta’	ISLA Sementes	<i>Cucurbita pepo</i>
2	‘Abobrinha suspiro’	ISLA Sementes	<i>Cucurbita pepo</i>
3	‘Abobrinha pádua’	ISLA Sementes	<i>Cucurbita pepo</i>
4	‘Abobrinha de tronco redonda’	Feltrin Sementes	<i>Cucurbita pepo</i>
5	‘Abobrinha redonda clara’	ISLA Sementes	<i>Cucurbita pepo</i>
6	‘Abobrinha de tronco branca’	ISLA Sementes	<i>Cucurbita pepo</i>
7	‘Abobrinha tortuga’	ISLA Sementes	<i>Cucurbita maxima</i>
8	‘Abobrinha Caserta Italiana’	Feltrin Sementes	<i>Cucurbita pepo</i>
9	‘Abobrinha de tronco redonda verde escura’	Agristar do Brasil - Top Seed	<i>Cucurbita pepo</i>
10	‘Abobrinha Bavette’	ISLA Sementes	<i>Cucurbita pepo</i>
11	‘Abobrinha Caserta’	Empório das sementes	<i>Cucurbita pepo</i>
12	‘Híbrido F ₁ caserta’	Feltrin Sementes	<i>Cucurbita pepo</i>

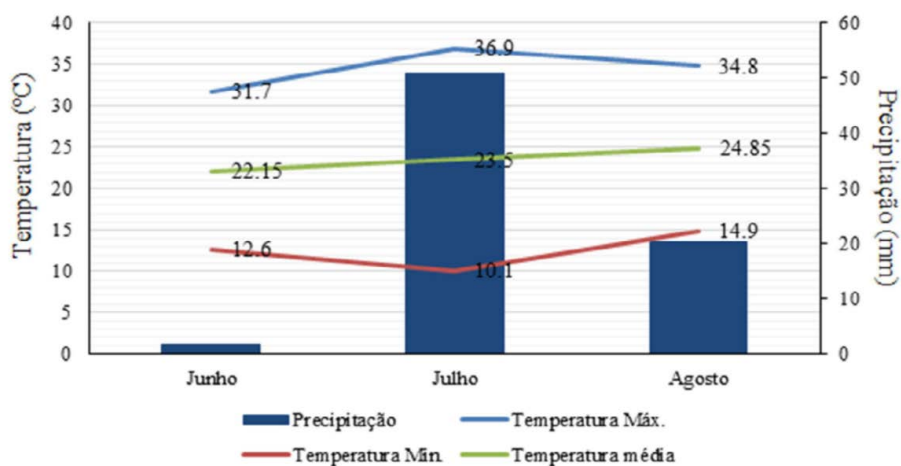


Figura 3: Dados meteorológicos coletados do INMET (Instituto Nacional de Meteorologia). Estação: SEROPEDICA-ECOLOGIA AGRICOLA A601. Data de Referência: 13/06/2023 - 22/08/2023; referente ao período que o material ficou em campo. **Fonte:** INMET: Tempo, Inmet.gov.br, disponível em: < <https://bdmep.inmet.gov.br/> >. acesso em: 26 jul. 2024.

Foram avaliadas as características abaixo:

- Dias da emergência até o início do florescimento (DEF): contabilizados o número de dias da emergência média até o surgimento da primeira flor do florescimento;
- Dias da emergência até a colheita do primeiro fruto (DCF): contabilizados o número de dias da emergência média até a colheita do primeiro fruto;
- Número de folhas (NF): contagem direta do número de folhas na colheita do primeiro fruto;
- Porcentagem de flores femininas (%FF): observada até a 10^a semana, é a relação entre o número de flores pistiladas e o total de flores multiplicada 100;
- Porcentagem de flores masculinas (%FM): observada até a 10^a semana, é a relação entre o número de flores masculinas e o total de flores multiplicada 100.

Após a colheita os frutos serão levados para o Laboratório de Genética e Melhoramento Vegetal/DG/ICBS para avaliação das características relacionadas abaixo:

- Diâmetro do fruto (DF, cm): mensurado na colheita com uma régua milimetrada no maior diâmetro;
- Comprimento do fruto (CF, cm): com uma régua milimetrada mensurado em um corte longitudinal;

- h) Tamanho da circunferência (TC, cm): mensurado na colheita por meio de fita milimetrada;
- i) Peso do fruto (PF, kg): obtido com auxílio de uma balança;
- j) Espessura da casca (EC, mm): obtida com auxílio de paquímetro digital; (MTX)
- k) Espessura da polpa (EP, cm): obtida com auxílio de régua milimetrada;
- l) Teor de sólidos solúveis (TSS): realizado com um refratômetro manual em uma amostra de extraída do fruto;
- m) pH do fruto (pH): em uma amostra extraída do fruto foi feito a medição com auxílio de um pHmetro;
- n) Firmeza da polpa (FP, lb): determinada com penetrômetro manual (Instrutherm-MOD. ptr-300) com ponteira de 8 mm de diâmetro.

Foi realizada para cada característica a análise estatística descritiva. Os dados de caracteres foram submetidos à análise de componentes principais. A distância Euclidiana Quadrática foi utilizada para obtenção da matriz de dissimilaridade. Os genótipos foram agrupados utilizando o método Hierárquico UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages*) (CRUZ et al., 2014). As análises estatísticas foram realizadas no programa R 4.2.3.

5.2. Avaliação de genótipos no campo

O plantio foi realizado em março de 2024, no Setor de Horticultura da UFRRJ, Município de Seropédica-RJ, com os cinco genótipos com melhor desempenho no primeiro experimento. De acordo com os resultados obtidos no primeiro experimento, foram escolhidos os cinco genótipos mais produtivos, os frutos com maior grau Brix e os genótipos que apresentaram frutos com maior uniformidade. Com isso, os genótipos avaliados foram: ‘Híbrido F₁ caserta’, ‘Abobrinha Bavette’, ‘Abobrinha Pádua’, ‘Abobrinha redonda clara’ e ‘Abobrinha de tronco branca’. Foram retiradas amostras a 20 cm de profundidade da superfície do solo para a realização de análise (Tabela 2). No dia do plantio foi feita a adubação química com 20 g de sulfato de amônio ao redor da planta; duas semanas após plantio foi feita adubação com esterco curtido, 300 g por planta.

Os registros de temperatura mínima, média e máxima, e precipitação dos meses em que o experimento foi conduzido encontram-se na Figura 4.

Tabela 2: Resultado da análise de solo (Seropédica, RJ, 2024).

pH em água	M.O. g Kg ⁻¹	Mg dm ³		V	Ca	Mg	Al	H + Al	SB
		P	K	%	cmolc dm ³				
5,62	47,82	163	30	33	0,94	0,48	0	3,14	1,52

Nota: mEq 100 cm³ = cmolc dm³ e ppm = mg dm³; Prof. = profundidade; V – Índice de saturação de bases; SB – Soma de Bases Trocáveis.

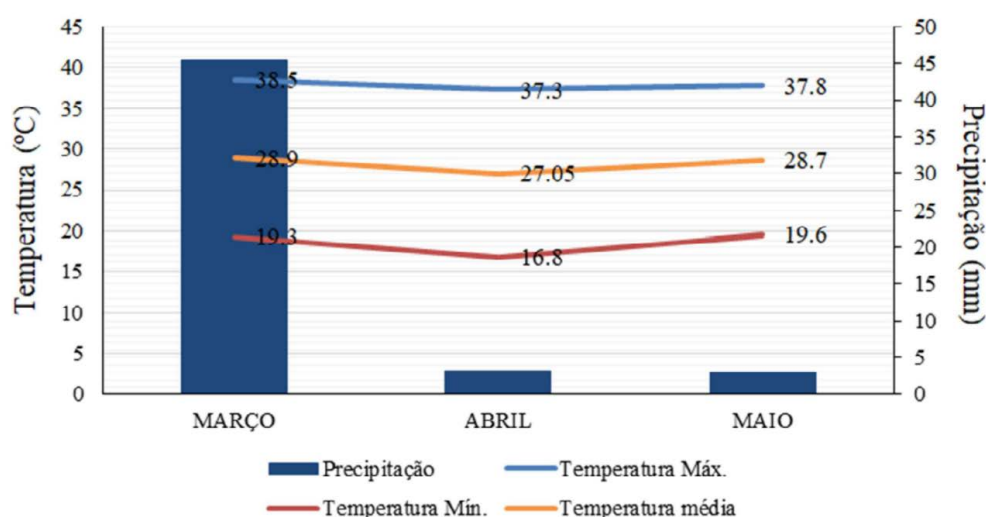


Figura 4: Dados meteorológicos coletados do INMET (Instituto Nacional de Meteorologia). Estação: SEROPEDICA-ECOLOGIA AGRICOLA A601. Data de Referência: 12/03/2024 - 21/05/2024; referente ao período que o material ficou em campo. **Fonte:** INMET: Tempo, Inmet.gov.br, disponível em: < <https://bdmep.inmet.gov.br/> >. acesso em: 26 jul. 2024.

O experimento foi conduzido em blocos ao acaso, com cinco repetições. Foi feito o plantio de cinco plantas por parcela, totalizando 125 plantas. Foram avaliadas uma das três plantas centrais de cada parcela. O espaçamento adotado foi o de 1m entre plantas e linhas. As características avaliadas foram: número de dias para o florescimento (DF), dias até a colheita (DC), comprimento do fruto (CF, cm); circunferência do fruto (CIR, cm); número de frutos por planta (NF) e peso do fruto (PF, kg). Foi realizada a análise de variância (ANOVA) e as médias foram comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. As análises estatísticas foram realizadas no programa Genes (CRUZ, 2013).

5.3. Divergência Genética por meio de marcadores moleculares do tipo SCoT.

Foram submetidos à análise molecular 15 genótipos (Tabela 3). Foram separadas sementes desses genótipos e semeados em copos de 500mL com substrato comercial e conduzidos em casa de vegetação no Setor de Fitopatologia da UFRRJ-Seropédica. Entre 10 e 15 dias (plantas com aproximadamente 3 folhas definitivas pequenas) esses copos foram levados ao Laboratório de Genética e Melhoramento Vegetal (LGMV) no Instituto de Ciências Biológicas e da Saúde (ICBS) da UFRRJ para ser feita a extração de DNA.

Tabela 3: Identificação dos quinze genótipos avaliados (Seropédica, RJ, 2023).

Número	Tipo	Procedência	Espécie
1	‘Abobrinha de tronco caserta’	ISLA Sementes	<i>Cucurbita pepo</i>
2	‘Abobrinha suspiro’	ISLA Sementes	<i>Cucurbita pepo</i>
3	‘Abobrinha pádua’	ISLA Sementes	<i>Cucurbita pepo</i>
4	‘Abobrinha de tronco redonda’	Feltrin Sementes	<i>Cucurbita pepo</i>
5	‘Caipira’	Agristar do Brasil - Top Seed	<i>Cucurbita moshata</i>
6	‘Abobrinha redonda clara’	ISLA Sementes	<i>Cucurbita pepo</i>
7	‘Abobrinha de tronco branca’	ISLA Sementes	<i>Cucurbita pepo</i>
8	‘Abobrinha tortuga’	ISLA Sementes	<i>Cucurbita maxima</i>
9	‘Abobrinha Zucchini’	Agristar do Brasil - Top Seed	<i>Cucurbita pepo</i>
10	‘Abobrinha Caserta Italiana’	Feltrin Sementes	<i>Cucurbita pepo</i>
11	‘Abobrinha de tronco redonda verde escura’	Agristar do Brasil - Top Seed	<i>Cucurbita pepo</i>
12	‘Abobrinha Bavette’	ISLA Sementes	<i>Cucurbita pepo</i>
13	‘Abobrinha White Bush’ (cor creme)	Empório das sementes	<i>Cucurbita pepo</i>
14	‘Abobrinha Caserta’	Empório das sementes	<i>Cucurbita pepo</i>
15	‘Híbrido F ₁ caserta’	Feltrin Sementes	<i>Cucurbita pepo</i>

As análises moleculares foram realizadas conforme as etapas descritas a seguir: foram coletadas de 2 a 3 folhas jovens de cada genótipo, retirada a nervura principal e enroladas em papel alumínio, devidamente identificados e colocados em uma caixa de isopor contendo

nitrogênio líquido para não haver degradação do DNA. Após todos os genótipos serem acondicionados na caixa de isopor e identificados, as folhas de cada genótipo (agora já congeladas pelo nitrogênio líquido) foram depositadas num almofariz de porcelana junto com nitrogênio líquido e maceradas com a ajuda de um pistilo até formar uma espécie de pó, que posteriormente foi depositado num tubo Eppendorf de 1,5mL identificado e já contendo o Buffer de extração CTAB. A próxima etapa foi a extração de DNA propriamente dita, que seguiu de acordo com o protocolo modificado de Edwards et al. (1991) com as alterações.

Segundo este protocolo para uma solução de 100mL de Buffer de extração CTAB, foi preciso 2,0g de CTAB; 28,0mL de NaCl (5M); 4,0mL de EDTA (0,5M) pH 8,0; 10,0mL de TRIS-HCL (1M) pH 8,0 e 40,3mL de água. Para uma amostra, foi necessário 4 μ L de β -mercaptoetanol e 396 μ L de CTAB, produzindo assim 400 μ L de tampão de extração CTAB para cada amostra. Nesse experimento utilizamos 15 amostras, logo esses volumes foram multiplicados por esse valor para termos a quantidade necessária para cada extração. Esses 400 μ L então foram pipetados nos tubos Eppendorf de 1,5mL identificados que receberam o tecido vegetal macerado. Após essa etapa os tubos foram incubados a 60°C em banho-maria durante 20 minutos, sendo suavemente invertidos a cada 10 minutos. Após saírem do banho-maria foram adicionados 400 μ L de clorofórmio:álcool isoamílico numa proporção de 24:1, sendo então 16 μ L álcool isoamílico e 384 μ L de clorofórmio para cada tubo. Foram então invertidos suavemente por 15 minutos de maneira manual e em sequência os tubos foram para centrifuga a 13.000 rpm por 10 minutos. Foi então transferida a camada aquosa usando uma pipeta autoclavada para um novo tubo contendo isopropanol frio e centrifugadas a 13.000 rpm por 5 minutos. Foi descartado o sobrenadante e os tubos foram invertidos por 10-15 minutos para que seque o pellet de DNA, após essa etapa o pellet foi ressuscitado em solução tampão 100 μ L de T1E0,1. Foi adicionado então RNAase e as amostras mantidas em temperatura ambiente por 15 minutos. Após essa etapa, foi adicionado 500 μ L de EtOH 100% frio (do congelador) a cada tubo, invertidos suavemente e deixados à temperatura ambiente durante 5 a 10 minutos até secar os tubos. Foi centrifugado novamente a 13.000 rpm por 15 minutos, descartado o sobrenadante com cuidado. Os tubos foram invertidos para secar o pellet por cerca de 10 minutos. Em seguida foi ressuscitado o pellet em 100 μ L de T1E0,1 e as amostras congeladas à -20°C (no freezer).

As concentrações de DNA nas amostras foram estimadas através da análise em gel de agarose 1,5%, utilizando como padrão um material de concentração conhecida (lambda) e

análise visual de intensidade de banda. O gel foi corado com brometo de etídio (EtBr) e a visualização feita através de luz ultravioleta pelo fotodocumentador para gel de eletroforese – L-PIX TOUCH. Após estimar a concentração de DNA em cada amostra, foi feita a devida diluição em tampão TE (Tris e EDTA) do DNA das 15 amostras e conservados em freezer (-20°C).

A etapa de amplificação PCR (*polymerase chain reaction*) foi realizada seguindo protocolo para marcadores do tipo SCoT (*Start codon targeted*) de Collard e Mackill (2009). Antes de iniciar essa etapa, foi realizado o teste dos primers disponíveis. Ao todo foram testados 20 primers do tipo SCoT para os 15 genótipos de *Cucurbita* spp. O preparo do mix para as reações seguiu o protocolo adaptado de COLLARD *et al.*, (2009) sendo os reagentes e concentrações: 1µL de 10x Buffer; 0,6 µL de 25 Mm MgCl₂; 0,1 µL de 5U/µL Taq; 0,8 µL de 10 µM de primer; 1,92 µL de 0,5mM DNTP; 4,58 µL de H₂O e 1 µL de DNA. Cada reação com volume final de 10 µL. Cada um dos 20 *primers* foi testado com 2 amostras de DNA escolhidos de modo aleatório e seguiu para análise PCR no seguinte ciclo padrão: uma etapa inicial de desnaturação a 94 ° C por 3 min, seguida por 35 ciclos de 94 ° C por 1 min, 50°C por 1 min e 72°C por 2 min; a extensão final a 72°C foi mantida por 5 min. Após essa etapa, os produtos de amplificação por PCR foram pipetados em géis de agarose a 1,5% em tampão Tris Bórico (TBE) 1X, corado com brometo de etídio, submetidos a eletroforese numa frequência entre 85 e 90 Hz por cerca de 50 minutos e visualizados sob luz ultravioleta.

A partir das imagens dos géis referentes ao teste de *primers*, foi possível avaliar e escolher os primers que seriam utilizados, seguindo o critério daqueles que demonstraram maior amplificação e intensidade de bandas. Foram então selecionados 8 *primers* para seguir no experimento (Tabela 4). As PCR seguintes seguiram o mesmo padrão mencionado anteriormente com volume final de reação de 10 µL, sendo 1 µL de DNA por amostra. Os produtos resultantes dessas PCR também foram submetidos a eletroforese junto com um marcador de peso molecular de 100pb (ladder), que ajuda a identificar nos géis de agarose a massa molecular de fragmentos de DNA. Foram pipetados 3 µL de ladder + 4 µL de corante azul de bromofenol. Todas as amostras provenientes da PCR também receberam a mesma quantidade de corante, e cerca de 5 µL de cada amostra foi pipetado nos fossos do gel. O gel de agarose a 1,5%, foi corado com brometo de etídio, nas mesmas condições de corrida citadas anteriormente e visualizados sob luz ultravioleta pelo fotodocumentador para gel de eletroforese – L-PIX TOUCH.

Tabela 4: Descrição dos primers SCoT utilizados.

SCoT primer	Sequência (5'-3')
SCoT 01	CAACA <u>ATGG</u> CTACCACCA
SCoT 11	AAGCA <u>ATGG</u> CTACCACCA
SCoT 12	ACGAC <u>ATGG</u> CGACCAACG
SCoT 13	ACGAC <u>ATGG</u> CGACCATCG
SCoT 14	ACGAC <u>ATGG</u> CGACCGCGA
SCoT 25	ACCA <u>ATGG</u> CTACCACCGGG
SCoT 29	CCA <u>ATGG</u> CTACCACCGGCC
SCoT 30	CCA <u>ATGG</u> CTACCACCGGCG

Fonte: Adaptado de Collard e Mackill (2009).

Para a análise, foram contadas as bandas de cada imagem do gel e cada um correspondia a um *primer*. Foram contadas seguindo um padrão binário, onde é marcado 1 (um) quando há presença de banda e 0 (zero) na ausência de banda. Os dados da planilha binária foram submetidos à análise estatística, primeiramente estimando a Distância Binária de Sokal, que gera uma matriz de distância (de dissimilaridade) a partir dos dados de marcadores moleculares. A fórmula utilizada é expressa por:

$$s(i,j) = \frac{b + c}{(a + b + c + d)}^{1/2}$$

Onde:

a e d= representam onúmero de variáveis que assumiram os valores de 0 e 1 para cada par de genótipo;

b= número de ocorrências que o genótipo j possui mas o genótipo i não possui;

c= número de ocorrências que o genótipo i possui mas o genótipo j não possui;

Após estimativa da distância genética os dados foram submetidos ao agrupamento pelo método de otimização de Tocher e Hierárquico UPGMA (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Averages*). As análises dessa etapa foram realizadas no programa estatístico Genes (CRUZ, 2013).

5.4. Viabilidade polínica

A viabilidade polínica foi avaliada no Laboratório de Genética e Melhoramento Vegetal/DG/ICBS. Foram utilizadas amostras de grãos de pólen de duas espécies de *Cucurbita* spp.: duas variedades da espécie *C. moschata* e duas da espécie *C. pepo*. A descrição genótipos se encontra na Tabela 5.

Tabela 5: Identificação dos quatro genótipos avaliados (Seropédica, RJ, 2023).

Número	Tipo	Procedência	Espécie
15	‘Híbrido F ₁ caserta’	Feltrin Sementes	<i>Cucurbita pepo</i>
17	‘Abobrinha Bréscia’	ISLA Sementes	<i>Cucurbita pepo</i>
18	‘Menina brasileira’	Feltrin Sementes	<i>Cucurbita moschata</i>
19	‘Menina brasileira’	ISLA Sementes	<i>Cucurbita moschata</i>

Foram coletados 10 botões florais em pré-antese de cada genótipo, no período da manhã. As flores foram cortadas da planta com 15 cm de pecíolo, transferidos para um béquer plástico com água destilada e armazenado em geladeira (7°C) por 1, 2, 3 até 4 dias. A viabilidade polínica foi avaliada no momento da coleta (0h), no 1º (24 h), 2º (48 h), 3º (72h) e 4º (96h) dias de armazenamento, totalizando 5 tratamentos de tempo de armazenamento de grão de pólen. Foram coletados também flores na antese para avaliação da viabilidade polínica. A viabilidade polínica foi estimada utilizando o Lugol 1%, que indica a viabilidade pela coloração marrom (Figura 5) (DAFINI, 1992).

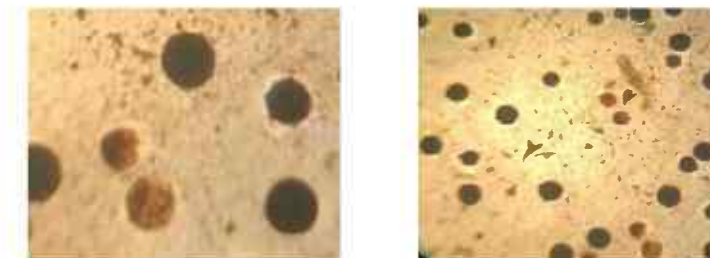


Figura 5: Grãos de pólen de *Cucurbita* spp. corados com Lugol 1%. Os mais escuros são os grãos viáveis, enquanto os de coloração mais clara (marrom) são os não-viáveis. **Fonte:** Autor.

Foram confeccionadas oito lâminas para cada genótipo, sendo contabilizados 250 grãos de pólen por lâmina, totalizando 2.000 grãos de pólen por genótipo, pelo método de varredura utilizando um microscópio binocular com lente objetiva de 10x. Com os dados obtidos, foi calculada a porcentagem de pólen viáveis obtidos pela equação: Viabilidade do pólen (%) = $\text{N}^\circ \text{ de grãos corados} / \text{N}^\circ \text{ de grãos contados} * 100$. Foi realizada análise de regressão dentro de cada espécie e as médias foram comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. As análises estatísticas foram realizadas no programa RBio (BHERING, 2017).

6. RESULTADOS E DISCUSSÃO

6.1. Divergência genética entre acessos de *Cucurbita* spp.

Na tabela 6 encontra-se os valores da estatística descritiva para todas as características avaliadas. Para a característica dias da emergência até o início do florescimento (DEF) foi observada média de 26,62 dias, enquanto que o valor médio do número de dias da emergência até a colheita do primeiro fruto (DCF) foi de 45,46 dias. Segundo Cardoso *et al.*, (2016) dependendo do cultivar, região e época de cultivo, o início das colheitas ocorre de 40 a 50 dias após a semeadura. Nesse sentido, o valor médio nesse experimento foi de 45,46 dias, sendo o valor máximo 54 dias (Tabela 6), corroborando com o descrito pelos autores. Os genótipos ‘Abobrinha de tronco caserta’, ‘Abobrinha suspiro’, ‘Abobrinha de tronco redonda’ e ‘Abobrinha redonda clara’ foram os mais precoces e tiveram seus primeiros frutos colhidos ao 42º dia após a semeadura.

O percentual de flores femininas e masculinas por planta é importante para o conhecimento e prospecção da produtividade na lavoura. As flores masculinas são as responsáveis pela produção de pólen e as flores femininas, ao serem fecundadas, formam o fruto da planta. Sendo assim, o sexo das flores em cucurbitáceas é um ponto-chave para a produção das espécies cultivadas, bem como para entender a influência genética e ambiental que favorecem ou prejudicam o número de flores femininas e masculinas por planta. Podemos observar na Tabela 6 que para a porcentagem de flores femininas (%FF) houve média de 14,61%; já a média de porcentagem de flores masculinas (%FM) foi igual a 85,01% (Tabela 6), indicando assim que as condições edafoclimáticas do local propiciaram maior manifestação de flores masculinas e menor manifestação de flores femininas. Os genótipos que apresentaram menor discrepância de valores entre %FF e %FM foram: ‘Abobrinha suspiro’ com 25% de flores femininas e 75% de flores masculinas e ‘Abobrinha de tronco redonda’ com 26,39% de flores de femininas e 69,07% de flores masculinas. A escolha de cultivares e regiões de cultivo podem influenciar nas práticas de manejo a serem adotadas para melhor eficiência da produção (RODRIGUES *et al.*, 2021).

Segundo Rochelle (1974), valores médios de comprimento do fruto (CF) e tamanho da circunferência (TC) para *C. pepo* cv. “Small sugar” estão entre 6,7 a 10,3cm; 12,6 a 17,5cm respectivamente. Para CF a média do experimento foi de 10,27, sendo os genótipos ‘Abobrinha pádua’ e ‘Híbrido F₁ caserta’ os que apresentaram maiores médias 20,70 e 17,30cm respectivamente (Tabela 6; Figura 6), corroborando com a variação ideal proposta por Cardoso

et al., (2016) para frutos de *C. pepo*, com comprimento variando entre 15 a 22 cm. Entretanto na avaliação do TC a média foi de 22,20, superior ao descrito por Rochelle (1974) para frutos de “Small sugar”. Nesse contexto, a média superior encontrada se deve majoritariamente aos genótipos possuírem fruto em formato arredondado, contribuindo para o aumento da média, comprovado pelos genótipos que possuíram maiores valores para TC: o genótipo ‘Abobrinha redonda clara’ com 32,60cm; ‘Abobrinha suspiro’ com 31,85cm e ‘Abobrinha de tronco redonda verde escura’ com 30,75cm.

O número de folhas por planta (NF) é um indicador valioso para entender o desempenho agrônomo das culturas e otimizar práticas de manejo. Segundo Taiz e Zeiger (2013) a orientação das folhas no caule e também a quantidade por planta podem influenciar nas taxas fotossintéticas por aumentar a absorção de energia luminosa. As folhas quando sombreadas por outras estão expostas a níveis mais baixos de luz, logo, taxas fotossintéticas mais baixas (CARLESO, 2018). No presente estudo o valor médio do NF de 16,56 folhas por planta, com amplitude 10 a 30 folhas por planta (Tabela 6).

Com relação ao peso do fruto (PF) o valor médio encontrado foi de 0,210kg estando em conformidade com resultados obtidos por Cardoso *et al.*, (2016), onde descreve que os frutos de *C. pepo* em geral são colhidos com peso variando entre 200 e 250g. Analisando mais detalhadamente, os genótipos ‘Abobrinha de tronco redonda verde escura’, ‘Abobrinha Bavette’ e ‘Híbrido F₁ caserta’ obtiveram médias de 240kg, 230kg e 230kg respectivamente, sendo os melhores dentro dessa característica (Tabela 6).

A espessura da casca (EC) é uma característica muito importante na produção de abóboras, visto que o padrão de mercado que prefere cascas menos espessas pois facilitam o manuseio e preparo do fruto. A ‘Abobrinha Caserta Italiana’ foi a que apresentou menor média de espessura de casca, com 0,100mm. Essa é uma cultivar amplamente produzida, comercializada e de grande aceitação pelo mercado (CARDOSO *et al.*, 2016). Esse resultado evidencia a superioridade desse cultivar entre os demais comparados e sua importância por atender o Segundo Amaro *et al.* (2014) as espessuras da casca e da polpa estão relacionadas com o rendimento da porção consumível do fruto. Segundo Balkaya *et al.* (2010), quando entre 2,9 e 4,3 mm, a casca é considerada fina, logo, o valor médio de 1,88mm (Tabela 6) está bem abaixo e é bem mais fino, agregando valor ao produto que atende à demanda de mercado.

Para a variável espessura da polpa (EP) o que apresentou maior média de espessura foi o ‘Abobrinha suspiro’. O genótipo ‘Abobrinha suspiro’ apresentou uma média de 16,54 mm,

estando em conformidade com Rochelle (1974) para valores médios de espessura da polpa na região mediana do fruto. Para *Cucurbita pepo* cv. “Small sugar” de 1,4 a 2,4 cm; e entre 1,6 e 2,1 cm para *C. pepo* cv. “Caserta”. Segundo Almeida *et al.* (1994) esta característica é de relevante importância pois maior porcentagem de polpa implica em maior aproveitamento do fruto. O valor médio da característica no presente estudo foi de 9,59 cm (Tabela 6).



Figura 6: Frutos de alguns genótipos plantados no experimento de Divergência Genética.
Fonte: Autor.

Com relação ao pH do fruto, os 12 genótipos apresentaram valores similares. Com média de 5,77 (Tabela 6) e sendo o pH mais alto (6,68) encontrado no ‘Abobrinha Caserta’ e o mais baixo (5,03) na ‘Abobrinha tortuga’. Segundo Pereira *et al.*, (2020) no geral o pH da polpa de abóbora (*Cucurbita* spp.) varia entre 5,51 a 6,011. O pH nesta faixa é importante para garantir sabor, textura e conservação ideais para atender o mercado consumidor..

Para valores de FP (firmeza da polpa), Botrel (2007) observou uma firmeza de aproximadamente 49,62 N em frutos de abobrinha italiana, valor esse que excede a média de 30,42 N encontrados nesse trabalho (fazendo a conversão dos valores de lb para N) (Tabela 6).

Esta característica é fundamental para o melhoramento genético de frutos imaturos como a abobrinha, a firmeza está diretamente relacionada com a vida útil de prateleira do fruto e com a aceitação no mercado consumidor (ROCHA *et al.*, 2014).

Tabela 6: Estatística descritiva das quatorze características morfológicas de doze acessos de *Cucurbita* spp. (Seropédica, RJ, 2023).

Característica	Máximo	Mínimo	Média	Desvio Padrão	Variância	Coefficiente de Variação (%)
DEF	32	19	26,62	4,15	17,20	15,58
DCF	54	42	45,46	4,39	19,30	9,66
%FF	33,33	5,88	14,61	7,02	49,31	48,08
%FM	94,12	66,66	85,01	7,77	60,35	9,14
DF	10,88	2,28	6,415	2,49	6,19	38,79
CF	23,2	4,67	10,27	5,11	26,16	49,77
TC	36,5	9,41	22,20	7,73	59,70	34,81
NF	30	10	16,56	5,42	29,34	32,71
PF	0,53	0,02	0,21	0,12	0,016	58,56
EC	4,87	0,09	1,88	0,95	0,90	50,61
EP	19,93	3,55	9,59	4,07	16,57	42,45
TSS	4,39	1,90	2,86	0,62	0,39	21,73
pH	7,55	4,66	5,77	0,57	0,32	9,88
FP	12,20	3,05	6,84	2,53	6,41	36,98

DEF: dias da emergência até o início do florescimento; DCF: dias da emergência até a colheita do primeiro fruto; NF: número de folhas; %FF: porcentagem de flores femininas; %FM: porcentagem de flores masculinas. DF: diâmetro do fruto em cm; CF: comprimento do fruto em cm; TC: tamanho da circunferência em cm; PF: peso do fruto em kg; EC: espessura da casca em mm. EP: espessura da polpa em cm; TSS: teor de sólidos solúveis; pH: pH do fruto; FP: firmeza da polpa em Ib.

A partir do diagrama de dispersão (Figura 7) podemos observar o comportamento dos tratamentos entre os componentes um e dois. Os dois primeiros componentes (PC 1 e PC 2) são capazes de explicar aproximadamente 71% da variação total disponível. Com relação a % de flores femininas e masculinas podemos notar que estão negativamente correlacionados, visto que os vetores correspondentes são opostos um ao outro. No PC1 a %FM é a característica mais fortemente associada ao componente, seguida por %FF com o valor negativo, explicando a alta correlação inversa. Acredita-se as condições climáticas durante o experimento influenciaram esse resultado. As temperaturas acima do ideal para a cultura propiciaram maior expressão gênica de flores masculinas do que femininas por planta (FILGUEIRA, 2013).

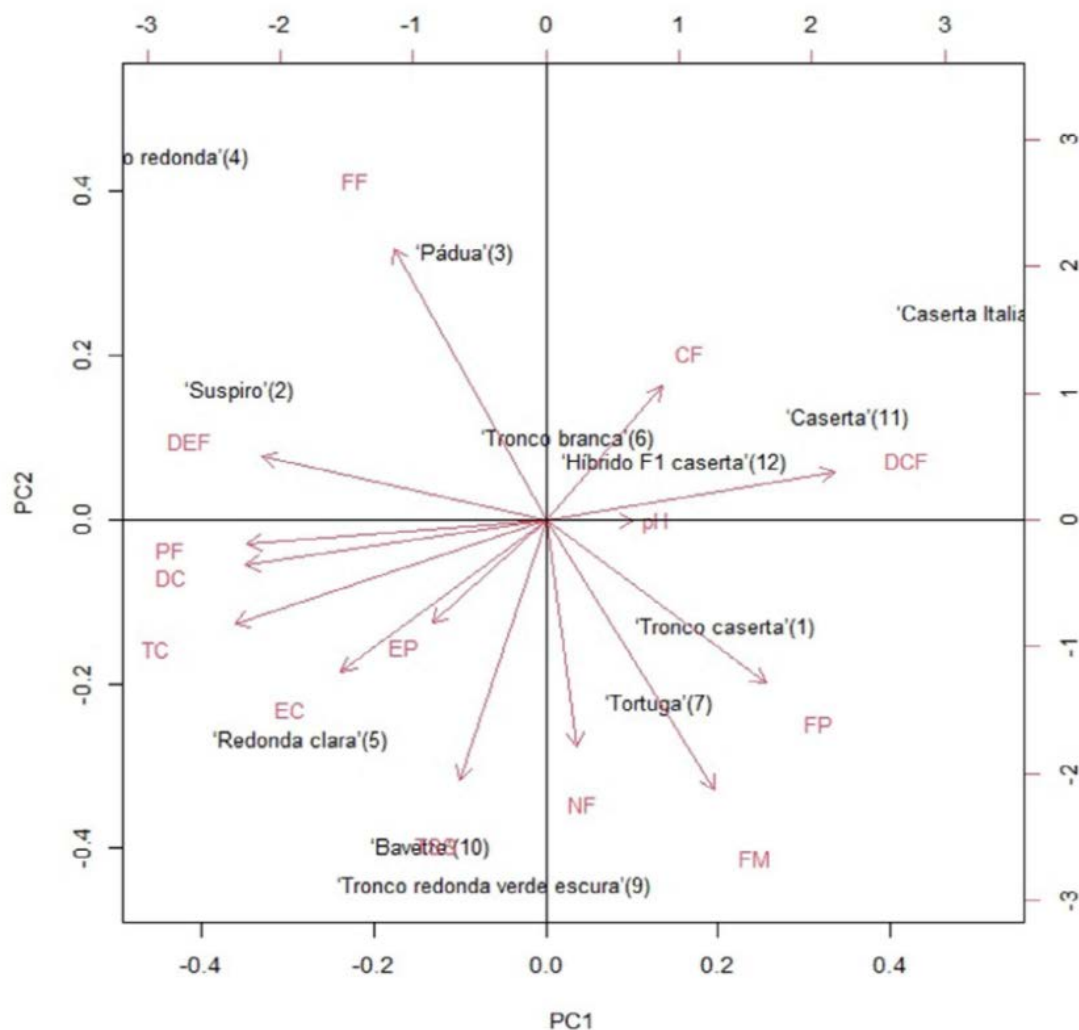


Figura 7: Diagrama de dispersão da análise de Componentes principais em representação gráfica do tipo biplot.

No segundo componente a principal característica foi Tamanho da Circunferência (TC) é a característica mais fortemente associada ao componente. TC, CF e DCF são as variáveis que graficamente mais demonstram influência nos tratamentos, sendo CF e DCF correlacionadas entre si, e TC com uma correlação negativa (Figura 7). Sabendo que quanto maior o comprimento do fruto, menor o tamanho da sua circunferência.

A maioria dos genótipos se encontra graficamente ao lado direito do gráfico, sendo correlacionadas as variáveis CF, DCF e %FM (Figura 7), pois essas foram as características morfológicas que mais contribuíram para os componentes principais, sendo então as mais importantes nesse estudo para a diversidade genética.

No dendrograma gerado (Figura 8) foi evidenciado a formação de três grupos distintos, gerados a partir do agrupamento pelo método hierárquico UPGMA. Os genótipos que foram avaliados ficaram em distintos grupos com os acessos de *C. pepo* distribuídos nos grupos 1, 2 e 3 da direita para a esquerda no dendrograma. O coeficiente de correlação cofenética do dendrograma foi de 0,84380 ou 84,38%, demonstrando um ajuste dentro do ideal entre a representação gráfica da similaridade genética e a matriz de similaridade original, permitindo inferências por meio da avaliação visual.

A partir da avaliação em campo, análise de variância e da análise PCA pôde-se escolher quais os genótipos iriam para o segundo experimento para a avaliação em campo. Foram escolhidos os genótipos que combinavam melhor desempenho nas condições edafoclimáticas de Seropédica, com características agrônômicas satisfatórias e que estivessem em distintos grupos estabelecidos pelo dendrograma, indicando assim maior divergência genética. Os genótipos ‘Abobrinha pádua’, ‘Abobrinha de tronco branca’, ‘Híbrido F₁ caserta’ (Grupo 1) e ‘Abobrinha Bavette’, ‘Abobrinha redonda clara’ (Grupo 2) foram os selecionados para o experimento no campo.

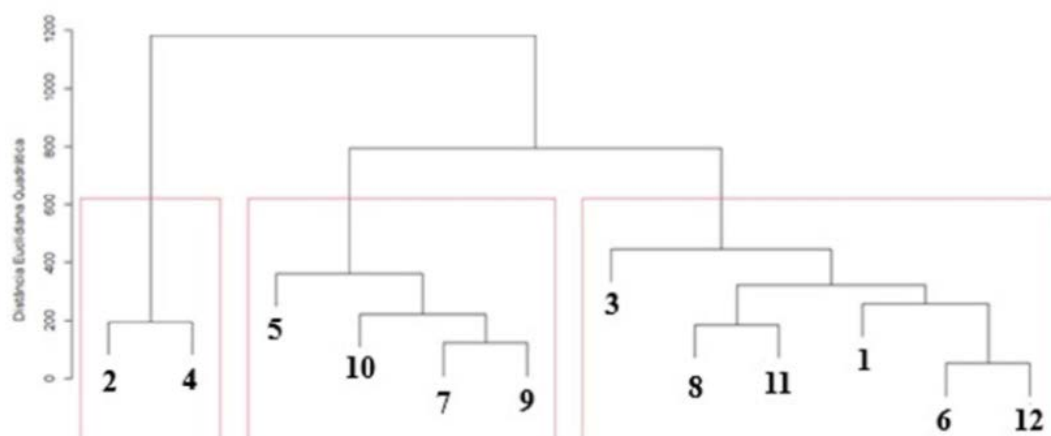


Figura 8: Dendrograma ilustrativo da análise de 12 genótipos de *Cucurbita spp.* após método UPGMA obtido através da Distância Euclidiana Quadrática no programa estatístico R.4.2.3. 1- ‘Abobrinha de tronco caserta’; 2- ‘Abobrinha suspiro’; 3- ‘Abobrinha pádua’; 4- ‘Abobrinha de tronco redonda’; 5- ‘Abobrinha redonda clara’; 6- ‘Abobrinha de tronco branca’; 7- ‘Abobrinha tortuga’; 8- ‘Abobrinha Caserta Italiana’; 9- ‘Abobrinha de tronco redonda verde escura’; 10- ‘Abobrinha Bavette’; 11- ‘Abobrinha Caserta’; e 12- ‘Híbrido F₁ caserta’.

6.2.Avaliação de genótipos no campo

Os cinco genótipos foram submetidos ao teste de comparação de médias em 6 caracteres (Tabela 7).

Para os caracteres número de folhas no momento da colheita” (NF), peso do fruto (PF) e dias até a colheita do primeiro fruto (DC) todos os cinco genótipos foram estatisticamente semelhantes, ou seja, as médias não diferiram entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. Os genótipos avaliados em menos de 2 meses (60 dias) darão retorno ao produtor, tornando esses genótipos interessantes para indicação de plantio entre safra ou até mesmo para agregar valor à área de cultivo do produtor.

Na característica dias para florescimento (DF), a ‘Abobrinha Redonda’ Clara foi o genótipo que apresentou menor média de dias até o aparecimento da primeira flor (31,06 dias), porém não apresentou diferença significativa a 5% de probabilidade pelo teste de Tukey, estando estatisticamente semelhante aos genótipos ‘Abobrinha Bavette’, ‘Pádua’ e de ‘Tronco Branca’ (Tabela 7).

A ‘Abobrinha Pádua’ apresentou maior média de comprimento de fruto (CF), com 20,54cm, não diferindo estatisticamente a 5% de probabilidade do genótipo ‘Híbrido F₁

caserta', com média de 18,80cm. Para a característica circunferência do fruto (CF) a 'Abobrinha Redonda Clara' apresentou maior média (31,54cm) e diferiu das demais pelo teste de comparação de médias (Tabela 7), apresentando boa qualidade de fruto, tendo por certo que maior circunferência neste caso significou maior quantidade de polpa, característica interessante para o mercado.



Figura 9: Imagens do experimento no campo do Setor de Horticultura/Departamento de Fitotecnia/IA (Seropédica, RJ, 2024). **Fonte:** Autor.

Tabela 7: Valores médios das características dias até o florescimento (DF), dias até a colheita (DC) e comprimento do fruto (CF), circunferência do fruto (CIR), número de folhas (NF) e peso do fruto (PF) de 5 genótipos de *Cucurbita pepo* (Seropédica, RJ, 2024).

Genótipo ^{1/}	DF	DC (Dias)	CF (cm)	CIR (cm)	NF	PF (kg)
Híbrido F ₁ caserta	37,86 a	54,70 a	18,80 ab	20,42 bc	16,48 a	0,394 a
Abobrinha Bavette	33,40 ab	48,72 a	10,42 c	22,80 b	16,42 a	0,2714 a
Abobrinha pádua	34,34 ab	52,80 a	20,54 a	18,04 c	17,50 a	0,3214 a
Abobrinha redonda clara	31,06 b	49,26 a	8,66 c	31,64 a	16,16 a	0,3804 a
Abobrinha de tronco branca	35,22 ab	53,16 a	14,00 bc	23,14 b	14,90 a	0,3568 a
Média	34,3760	51,7280	14,4840	23,2080	16,2920	0,3448
CV(%)	7,4593	6,79292	22,0430	8,59976	12,5725	29,1650

^{1/}Médias seguidas de mesma letra na coluna não se diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

6.3. Divergência genética via marcadores moleculares

A análise de divergência genética via marcadores resultou em um número total de bandas igual a 89, sendo todas elas polimórficas. Houve uma variação esperada na eficiência de cada primer, com o SCoT-14 sendo o mais produtivo (Tabela 8), podendo ser observados 15 bandas (Figura 10) e os SCoT-12 e SCoT-29 os menos produtivos, com 9 bandas observadas em cada. Desse modo, entende-se que o volume de dados provenientes da análise foi robusto e suficiente para uma boa análise da divergência entre os genótipos estudados. A média de 11,12 bandas por primer, demonstrou a capacidade anteriormente citada do marcador do tipo SCoT em se anelar a múltiplas regiões do genoma e amplificar, se associando mais diretamente à variação em sequências do genoma.

Tabela 8: Número de bandas, número de bandas polimórficas e porcentagem de polimorfismo dos *primers* utilizados.

SCoT primer	Nº de	Nº de	Polimorfismo
SCoT 01	13	13	100
SCoT 11	10	10	100
SCoT 12	09	09	100
SCoT 13	10	10	100
SCoT 14	15	15	100
SCoT 25	10	10	100
SCoT 29	09	09	100
SCoT 30	13	13	100
Total	89	89	
Média	11,12		

Em estudo realizado por Pandey et al. (2025) avaliando a divergência genética entre 34 genótipos de *Cucurbita moschata* utilizando marcadores RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) encontraram polimorfismo de 76,4%, enquanto no presente estudo o polimorfismo foi de 100% (Tabela 4). Enquanto que em estudo realizado por Ozturk et al. (2022) utilizando marcadores do tipo SSR (*Simple Sequence Repeats*) para a avaliação da divergência genética entre 29 genótipos de *Cucurbita pepo* o polimorfismo também foi de 100%.

Os resultados dessa análise confirmam a grande divergência já esperada entre os materiais vegetais escolhidos para serem estudados. Os 15 genótipos avaliados apresentaram uma alta diversidade genética entre si, o que é sustentado pela alta porcentagem de polimorfismo apresentada. Um resultado importante também foi comprovar a eficiência no uso desse tipo de marcador para a análise do gênero *Cucurbita*, pois os marcadores se mostraram altamente informativos, eficientes e de fácil replicabilidade em laboratório como o esperado.

Com base nos dados apresentados na Tabela 9 em conjunto com a avaliação de divergência via distância genética Binária de Sokal. Observa-se que os marcadores utilizados possuem alta capacidade de discriminação e são adequados para detectar a variabilidade genética presente no conjunto de amostras. O menor valor de distância genética (0,76) foi observado entre os genótipos ‘Abobrinha Caserta’ e ‘Híbrido F₁ caserta’, os dois são da espécie *Cucurbita pepo* e mesmo tipo de fruto. O maior valor de distância genética (0,47) foi observado entre os genótipos ‘Caipira’ e ‘Híbrido F₁ caserta’, ambos de espécies diferentes. O genótipo ‘Caipira’ da espécie *Cucurbita moshata*, enquanto que o genótipo ‘Híbrido F₁ caserta’ pertence à espécie *Cucurbita pepo*. Este resultado confirma a confiabilidade tanto do marcador SCoT e quanto da Distância Binária de Sokal em discriminar diferenças genéticas entre genótipos de *Cucurbita* spp.

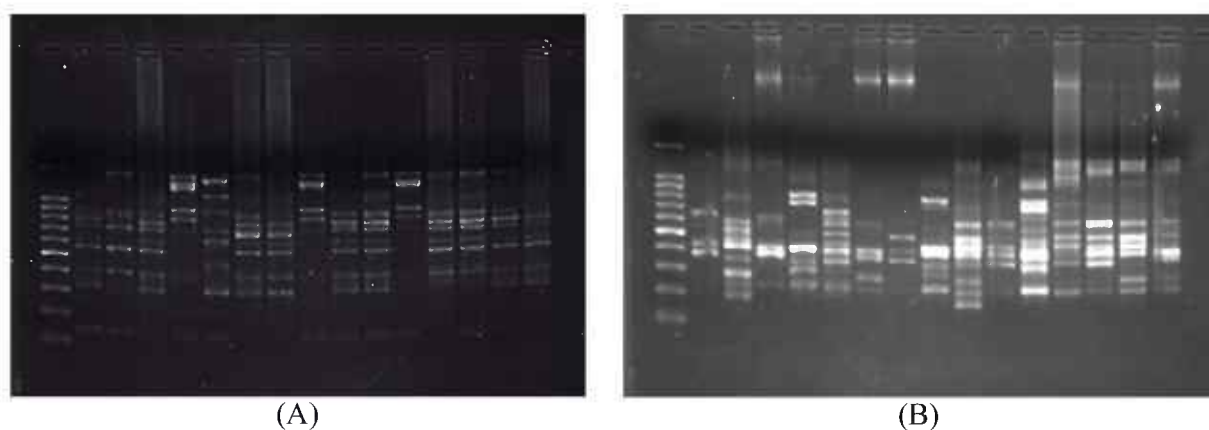


Figura 10: Gel contendo a amplificação de bandas pós PCR com primer SCoT 30 (A) e SCoT 14 (B). Fonte: Autor.

Tabela 9: Distância Binária de Sokal entre 15 genótipos de *Cucurbita* spp.

	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1	0,58	0,66	0,66	0,57	0,57	0,68	0,64	0,66	0,55	0,72	0,72	0,74	0,65	0,72
2	0	0,61	0,66	0,66	0,61	0,66	0,69	0,63	0,57	0,72	0,63	0,63	0,52	0,65
3	0	0	0,73	0,67	0,50	0,54	0,72	0,65	0,69	0,71	0,52	0,65	0,63	0,53
4		0	0	0,60	0,73	0,75	0,48	0,66	0,66	0,59	0,72	0,73	0,71	0,75
5				0	0,67	0,70	0,67	0,64	0,62	0,66	0,70	0,70	0,71	0,76
6					0	0,50	0,70	0,65	0,64	0,73	0,56	0,64	0,57	0,59
7						0	0,72	0,69	0,65	0,71	0,60	0,58	0,57	0,51
8							0	0,62	0,67	0,52	0,70	0,70	0,71	0,73
9								0	0,60	0,69	0,60	0,62	0,63	0,71
10									0	0,74	0,65	0,54	0,53	0,68
11										0	0,69	0,64	0,72	0,72
12											0	0,52	0,55	0,57
13												0	0,53	0,63
14													0	0,47

‘Abobrinha de tronco caserta’ (1); ‘Abobrinha suspiro’ (2); ‘Abobrinha pádua’ (3); ‘Abobrinha de tronco redonda’ (4); ‘Caipira’ (5); ‘Abobrinha redonda clara’ (6); ‘Abobrinha de tronco branca’ (7); ‘Abobrinha tortuga’ (8); ‘Abobrinha Zucchini’ (9); ‘Abobrinha Caserta Italiana’ (10); ‘Abobrinha de tronco redonda verde escura’ (11); ‘Abobrinha Bavette’ (12); ‘Abobrinha White Bush’ (13); ‘Abobrinha Caserta’ (14); ‘Híbrido F₁ caserta’ (15).

Em relação ao agrupamento de Otimização de Tocher foi observado que o grupo 1 foi o que agrupou maior quantidade de genótipos, ao todo sete genótipos (Tabela 10). Esse grupo é caracterizado pelos genótipos que apresentaram características similares de peso, tamanho e circunferência. As abobrinhas: ‘Abobrinha Caserta’ (14), ‘Híbrido F₁ caserta’ (15), ‘Abobrinha de tronco branca’ (7), ‘Abobrinha pádua’ (3), ‘Abobrinha Bavette’ (12) e ‘Abobrinha White Bush’ (13) são de formato cilíndrico, possuem características de espessura de casca e espessura da polpa muito próximas, apesar de diferirem nas cores de casca. Desse grupo apenas a ‘Abobrinha redonda clara’ (6), possui formato redondo, porém todos os genótipos do grupo são da espécie *Cucurbita pepo*.

No segundo grupo, esse padrão de agrupamento se confirma, pois as ‘Abobrinha de tronco redonda’ (4) e ‘Abobrinha tortuga’ (8), ‘Abobrinha de tronco redonda verde escura’ (11) são fenotipicamente muito parecidas em relação ao formato e cor do fruto, formato redondo e cor verde escura. No grupo 3 também foram agrupados 3 genótipos: ‘Abobrinha de tronco caserta’ (1), ‘Abobrinha Caserta Italiana’ (10) e ‘Abobrinha suspiro’ (2). A ‘Abobrinha suspiro’ (2), com relação às características de formato de fruto, se distingue muito das outras abobrinhas do seu agrupamento. No entanto, os três genótipos são da espécie *Cucurbita pepo*. Os grupos 4 e 5 foram constituídos por 1 genótipos cada. No grupo 4 a abobrinha ‘Caipira’ (5), que dos 15 genótipos avaliados, era a única da espécie *Cucurbita moschata*, e no 5º grupo a ‘Abobrinha Zucchini’ (9) (Tabela 10).

Em estudo conduzido por Zou et al. (2025) onde foi avaliada a divergência genética entre genótipos de *Cucurbita* utilizando marcadores SSR (*Simple Sequence Repeats*) foram formados três grupos. Um grupo com genótipos de *Cucurbita moschata*, outro grupo com genótipos de *Cucurbita pepo* e o terceiro grupo com genótipos da espécie *Cucurbita máxima*. Resultado que indicou alta correlação do agrupamento obtido utilizando marcadores moleculares com características fenotípicas. Resultado semelhante foi obtido no presente estudo ao separa em um único grupo genótipo da espécie *Cucurbita moschata*.

Tabela 10: Agrupamento de Otimização de Tocher dos 5 genótipos de *Cucurbita* spp. utilizando a Distância Binária de Sokal.

Grupo	Genótipos
I	‘Abobrinha Caserta’ (14), ‘Híbrido F ₁ caserta’ (15), ‘Abobrinha de tronco branca’, ‘Abobrinha redonda clara’ (6), ‘Abobrinha pádua’ (3), ‘Abobrinha Bavette’ (12), ‘Abobrinha White Bush’ (13)
II	‘Abobrinha de tronco redonda’ (4), ‘Abobrinha tortuga’ (8), ‘Abobrinha de tronco redonda verde escura’ (11)
III	‘Abobrinha de tronco caserta’ (1), ‘Abobrinha Caserta Italiana’ (10), ‘Abobrinha suspiro’ (2)
IV	‘Caipira’ (5)
V	‘Abobrinha Zucchini’ (9)

O valor de coeficiente de correlação cofenética foi de 0,8, demonstrando bom ajuste entre a representação gráfica da similaridade genética e a matriz de dissimilaridade original, permitindo inferências confiáveis por meio da avaliação visual (Figura 11).

Os métodos de Otimização de Tocher e UPGMA resultaram em agrupamentos parcialmente concordantes quanto à diversidade genética. O método UPGMA resultou em mais grupos formados, oito no total. O primeiro formado pelos genótipos ‘Abobrinha Caserta’ (14) e ‘Híbrido F₁ caserta’ (15). Justamente os genótipos que apresentaram menor valor de distância genética (Tabela 9). Genótipos com distâncias genéticas inferiores a 0,5 foram agrupados em mesmo grupo pelo método UPGMA.

O segundo grupo constituído pelas ‘Abobrinha pádua’ (3), ‘Abobrinha redonda clara’ (6) e ‘Abobrinha de tronco branca’ (7). O grupo 3 com as ‘Abobrinha Bavette’ (12) e ‘Abobrinha White Bush’ (13). A distância genética entre esses dois genótipos foi de 0,52. Os dois genótipos do grupo 3 tem fruto de formato cilíndrico e cor da carca verde clara. O grupo 4 formado também por dois genótipos: ‘Abobrinha de tronco caserta’ (1) e ‘Abobrinha Caserta Italiana’ (10).

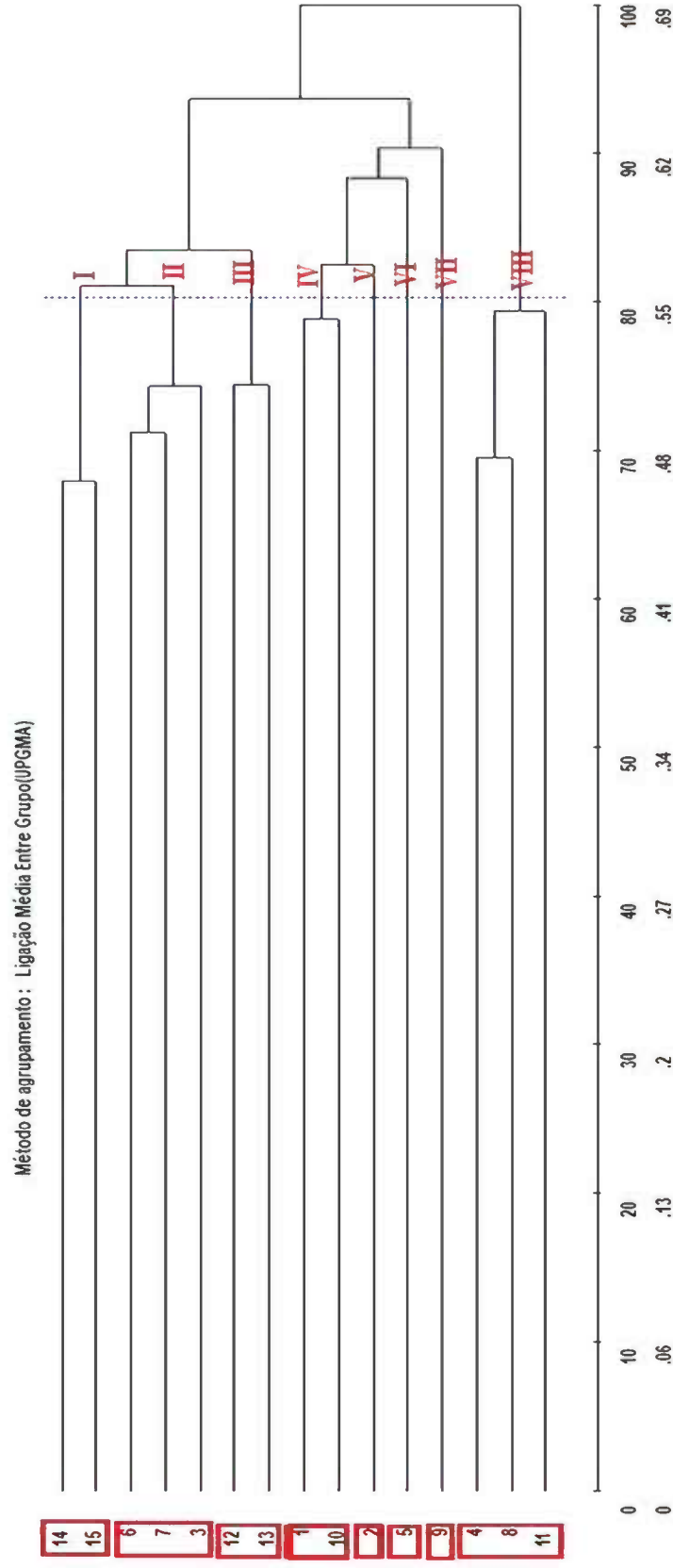


Figura 11: Dendrograma obtido pelo método Hierárquico de UPGMA utilizando a Distância de Binária de Sokal. ‘Abobrinha de tronco caserta’ (1); ‘Abobrinha suspiro’ (2); ‘Abobrinha pádua’ (3); ‘Abobrinha de tronco redonda’ (4); ‘Caipira’ (5); ‘Abobrinha redonda clara’ (6); ‘Abobrinha de tronco branca’ (7); ‘Abobrinha tortuga’ (8); ‘Abobrinha Zucchini’ (9); ‘Abobrinha Caserta Italiana’ (10); ‘Abobrinha de tronco redonda verde escura’ (11); ‘Abobrinha Bavette’ (12); ‘Abobrinha White Bush’ (13); ‘Abobrinha Caserta’ (14); ‘Híbrido F₁ caserta’ (15).

Três genótipos formaram grupos isolados: ‘Abobrinha suspiro’ (2), ‘Caipira’ (5) e ‘Abobrinha Zucchini’ (9). Os genótipos ‘Caipira’ (5) e ‘Abobrinha Zucchini’ (9) também formaram grupos isolados pelo Método de Otimização de Tocher (Tabela 10). O oitavo grupo foi formado por três genótipos: ‘Abobrinha de tronco redonda’ (4); ‘Abobrinha tortuga’ (8) e ‘Abobrinha de tronco redonda verde escura’ (11). Resultado semelhante ao observado pelo método de Otimização de Tocher (Tabela 10). Considerando a economia de tempo e recursos, os marcadores SCoT permitem distinguir e caracterizar cultivares, o que é vantajoso para o desenvolvimento de programas de melhoramento genético da cultura (SABET et al., 2025).

Sendo assim, pode-se afirmar que os genótipos são divergentes e demonstram variabilidade. A variação existente de arquitetura de planta, qualidade de fruto e resistência a doenças entre diferentes variedades podem contribuir para melhor explorar a variabilidade genética em programas de melhoramento genético (PÉREZ-MORO et al., 2025). A convergência nos resultados indicou que os agrupamentos genéticos foram bem definidos e não estão estreitamente ligados ao método de agrupamento escolhido, sendo assim, é possível confirmar a dissimilaridade dos genótipos estudados e reforçar que os resultados e conclusões tiradas a partir de ambos os métodos.

6.4. Viabilidade polínica

Após a ANOVA todos os genótipos avaliados obtiveram porcentagem de viabilidade polínica superior a 85% (Tabela 11). A viabilidade polínica é considerada alta quando as médias estão acima de 70%, aumentando assim a probabilidade de fertilização. Alguns estudos com a família *Cucurbita* spp. utilizando o corante Lugol 1% alcançaram valores médios de 89,83% para *Cucurbita moschata* e 92% para *C. pepo* (NACHBAR et al., 2018), resultados que foram superados pelo presente estudo que obteve uma média superior: 95% para *C. pepo* e 96% em um dos genótipos de *C. moschata*.

O estudo da viabilidade polínica é relevante num programa de melhoramento genético em razão de obter maior conhecimento sobre os genótipos trabalhados, objetivando avançar na seleção e priorizar os melhores cruzamentos possíveis, visto que a alta viabilidade polínica está relacionada também ao grau de estabilidade dos genótipos. A viabilidade pode funcionar como um medidor da fertilidade masculina, de natureza herdável. Quanto aos genótipos instáveis, é possível, através dessa simples técnica, identificá-los no programa de melhoramento (BRANBATTI et al., 2016).

O valor de CV(%) encontrado na avaliação dos 4 genótipos (Tabela 11) é considerado baixo, variaram de 1,37 a 2,14%, indicando boa precisão experimental e homogeneidade dos dados. Essa homogeneidade nos dados coletados é importante no estudo da viabilidade polínica para cada um desses cultivares, pois confirma a qualidade do grão de pólen no momento da antese explica com boa precisão o quão viáveis permanecem com o passar do tempo de armazenamento, logo, a partir desses resultados, é possível, num próximo momento, traçar estratégias para produção e cruzamento entre genótipos, com informações acerca do material que será utilizado, evitando perda de produtividade relativa à polinização.

Na análise por genótipo (Tabela 11) o genótipo *C.pepo* ‘Híbrido F₁ Caserta’ demonstrou ser extremamente estável, com maior viabilidade no período pré-antese (0h) com valor de viabilidade de 98,50%, não se diferenciando estatisticamente pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade do período de armazenamento de 24h (96,90%). O genótipo *C.pepo* ‘Brésia’ por sua vez, demonstrou maior viabilidade logo após a antese (97,65%).

Nos genótipos de *C.moschata* foi observado que o genótipo ‘Menina Brasileira 17’ a maior viabilidade foi observada na pré-antese com 97,05%. Houve queda significativa na antese (94,50 %) e 24h de armazenamento (93,80%) em relação à viabilidade na antese. Entre estes dois períodos não houve diferenças pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. A redução na viabilidade neste genótipo também foi observada nos períodos de 48h (92,20%), 72h (91,30%) e 96h (86,05%) de armazenamento. No genótipo ‘Menina Brasileira 18’ foi observada maior viabilidade no período pré-antese, com valor médio de 92,65% (Tabela 11).

Com relação à comparação dos períodos de armazenamento entre diferentes genótipos, observa-se que na antese o genótipo ‘Menina Brasileira 17’ apresentou viabilidade menor (94,50%). No período pré-antese o genótipo ‘Híbrido F₁ Caserta’ foi o que apresentou maior viabilidade, com média de 98,50%. Nos períodos de armazenamento de 24h, 48h, 72h e 96h o genótipo ‘Menina Brasileira 18’ apresentou os menores valores de viabilidade com 91,10; 87,00; 83,45 80,50 e respectivamente. Comparando os genótipos de *Cucurbita pepo* e *Cucurbita moschata* os genótipos de *Cucurbita pepo* foram os que mantiveram os maiores valores de viabilidade neste quatro períodos de armazenamento (Tabela 11).

Conhecer as porcentagens de pólen viável durante os ciclos da planta (pré-antese, antese e pós) pode favorecer a conservação, a adaptação e a compreensão do comportamento fisiológico da fertilização do grão de pólen visando possibilitar o uso dessas informações em estudos taxonômicos, ecológicos, genéticos e palinológicos (DEL ÁNGEL-PÉREZ et al., 2023).

Tabela 11: Porcentagem de grãos-de-pólen viáveis na abertura no botão floral e em 5 períodos de armazenamento do botão floral em pré-antese em dois genótipos de *Cucurbita pepo* e dois genótipos de *Cucurbita moschata*.

Período ^{1/}	‘Híbrido F ₁ caserta’ (15)	‘Abobrinha Bréscia’ (16)	‘Menina brasileira’ (17)	‘Menina brasileira’ (18)
Antese	95,50 BC a	97,65 A a	94,50 B b	95,95 A a
0h	98,50 A a	96,85 BC b	97,05 A a	92,65 B b
24 h	96,90 AB a	94,75 CD b	93,80 BC b	91,10 B c
48 h	94,00 C b	96,75 BC a	92,20 CD b	87,00 C c
72 h	94,80 BC a	92,05 E b	91,30 D b	83,45 D c
96 h	94,95 BC a	93,15 DE a	86,05 E b	80,50 E c
Média	95,77	95,2	92,48	88,44
CV(%)	1,50	2,14	1,37	1,40

^{1/}Médias seguidas por mesma letra maiúscula na coluna e minúscula na linha não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

Através da análise de regressão pode-se verificar pelo coeficiente de determinação (R^2) e da análise gráfica, que os genótipos de *C. pepo* tiveram comportamentos diferentes. Para o genótipo ‘Híbrido F₁ caserta’ (Figura 12- A) foi necessário ajustar o modelo a uma função quadrática, para que o modelo fosse o mais ajustado, sendo possível então a obtenção de um valor de R^2 de aproximadamente 90%. O coeficiente de determinação é importante numa análise de regressão, pois permite avaliar a precisão da previsão do modelo de regressão, ele varia de 0 a 100%. Já para o genótipo ‘Abobrinha Bréscia’ (Figura 12- B) foi realizado um modelo de regressão linear, que apresentou valor de R^2 de aproximadamente 56%, que é um valor intermediário, porém foi significativo a 5% de probabilidade. Observa-se nos dois genótipos de *C. pepo* que houve tendência de redução da viabilidade ao longo dos períodos de armazenamento.

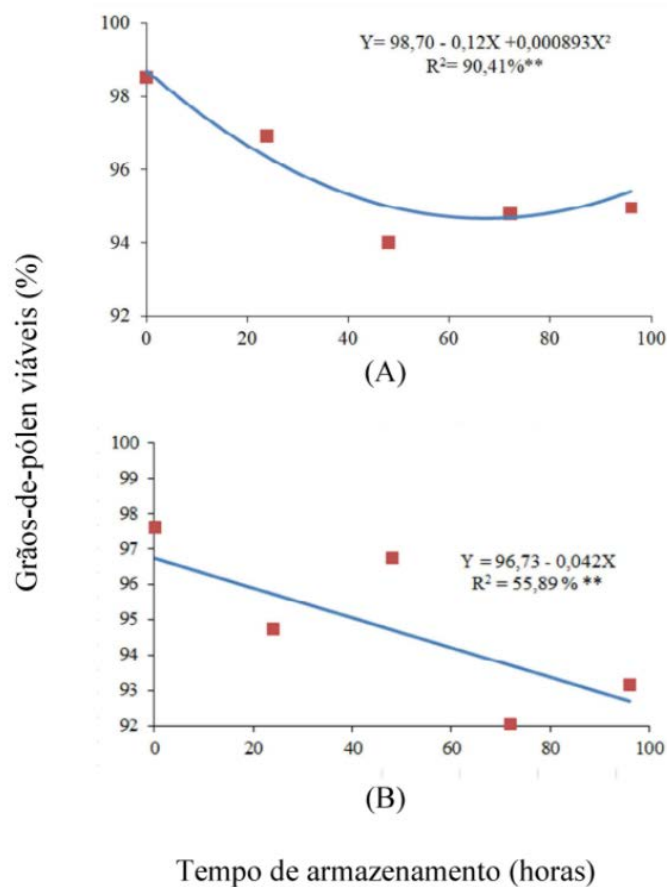


Figura 12: Porcentagem de grãos-de-pólen viáveis coletados de botões florais em estágio de pré-antese submetidos a 5 períodos de armazenamento (0h, 24h, 48h, 72h e 96h) em temperatura de 7°C de genótipos de *Cucurbita pepo* L. (A) ‘Híbrido F₁ caserta’; (B) Genótipo ‘Abobrinha Bréscia’. ** Significativo a 5% de probabilidade.

Para a espécie *C. moschata*, foi realizada análise de regressão linear para ambos os genótipos e pode-se observar através do coeficiente de determinação e da análise gráfica que os modelos ficaram bem ajustados aos genótipos ‘Menina brasileira’ (17) (Figura 13-A) e ‘Menina brasileira’ (18) (Figura 13-B) que possuem um coeficiente de variação de aproximadamente 98% e 92% respectivamente, sendo observada alta correlação entre as médias. Assim como observado nos genótipos de *C. pepo*, houve tendência de redução da viabilidade ao longo dos períodos de armazenamento nos genótipos de *C. moschata*.

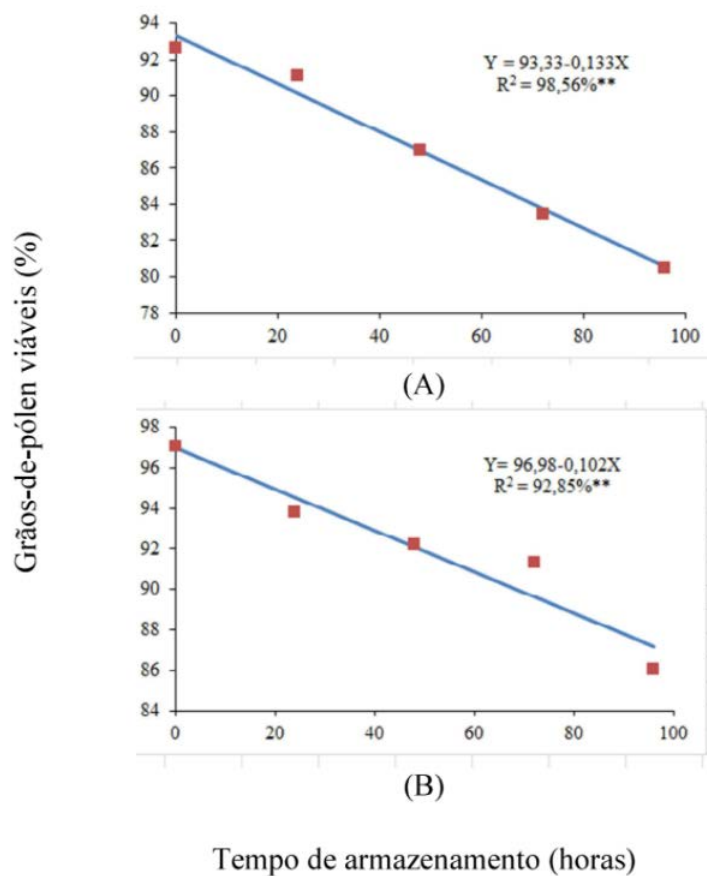


Figura 13: Porcentagem de grãos-de-pólen viáveis coletados de botões florais em estágio de pré-antese submetidos a 5 períodos de armazenamento (0h, 24h, 48h, 72h e 96h) em temperatura de 7°C de genótipos de *Cucurbita moshata*. (A) ‘Menina brasileira’ (17) e (B) ‘Menina brasileira’ (18). ** Significativo a 5% de probabilidade.

7. CONCLUSÃO

No estudo divergência, foi possível a análise de divergência de 12 genótipos, entender sua adaptação as condições edafoclimáticas do município de Seropédica. A partir das características avaliadas observou-se que houve maior produção de flores masculinas. Houve a formação de três grupos pelo método UPGMA. O primeiro grupo formado pelos genótipos ‘Abobrinha pádua’, ‘Abobrinha caserta italiana’, ‘Abobrinha caserta’, ‘-Abobrinha de tronco caserta’, ‘Abobrinha de tronco branca’ e Híbrido F₁ caserta’. O segundo grupo pelos genótipos ‘Abobrinha redonda clara’, ‘Abobrinha bavette’, ‘Abobrinha tortuga’ e ‘Abobrinha de tronco redonda verde escura’. O terceiro grupo pelos genótipos ‘Abobrinha suspiro’ e ‘Abobrinha de tronco redonda’.

Com relação a divergência genética via marcadores moleculares, pode-se comprovar que em ambos os métodos de agrupamento (Otimização de Tocher e UPGMA) foram parcialmente concordantes. Os acessos mais divergentes entre si continuaram isolados em grupos diferentes independente do método de agrupamento.

O estudo da viabilidade demonstrou alta viabilidade polínica (acima de 70%) para os genótipos de *C. pepo* e *C. moschata*, resultado que contribui para o sucesso produtivo desses genótipos e garante que nessas condições é possível a manipulação desse grão-de-pólen visando futuros cruzamentos.

Todos os resultados obtidos nesse trabalho de conclusão servirão como base para a escolha de genitores e para a realização de cruzamentos controlados entre genótipos de *Cucurbita* spp.

8.REFERÊNCIAS

ACQUAAH, G. Conventional plant breeding principles and techniques. In: AL-KHAYRI, J. M.; JAIN, S. M.; JOHNSON, D. V. (eds.). **Advances in plant breeding strategies: Breeding, biotechnology and molecular tools**. Basel, Switzerland: Springer International Publishing, 2015. p. 115–158. doi: 10.1007/978-3-319-22521-0.

AGRO, Censo. **IBGE - Censo Agro 2017. IBGE - Censo Agro 2017**. Disponível em: <https://censoagro2017.ibge.gov.br/templates/censo_agro/resultadosagro/agricultura.html?localidade=33&tema=76408>. Acesso em: 8 jan. 2024.

AHMAD, F.; AKRAM, A.; FARMAN, K.; ABBAS, T.; BIBI, A.; KHALID, S.; WASEEM, M. Molecular markers and marker assisted plant breeding: current status and their applications in agricultural development. **Journal of Environmental and Agricultural Sciences**, v. 11, p. 35-50, 2017.

ALMEIDA, A. H. B.; PEDROSA, J. F.; NOGUEIRA, I. C. C.; NEGREIROS, M. Z. Avaliação de cultivares e híbridos de *Cucurbita maxima* Duch. e *Cucurbita mostacha* Duch. na microrregião salina do Rio Grande do Norte. **Revista Caatinga**, v. 8, p. 45–48, 1994.

AMARIZ, A. **Qualidade, compostos bioativos e atividade antioxidante de frutos de Jerimum de leite (*Cucurbita moschata*) pertencentes ao banco ativo de Germoplasma de cucurbitáceas da Embrapa Semiárido**. Dissertação (mestrado em Fitotecnia). Universidade Federal Rural do Semiárido, p. 135, 2011

AMARO, G. B.; CARMONA, P. A. O.; CARVALHO, A. D. F.; LOPES, J. F.; COIMBRA, K. G. Desempenho de híbridos de abóboras e morangas avaliados no Distrito Federal. **Horticultura Brasileira**, v. 31, p. 1916–1923, 2014.

AMARO, G. B.; SILVA, G. O.; BOITEUX, L. S.; CARVALHO, A. D.; LOPES, J. F. Desempenho agrônomo de híbridos experimentais de abóbora Tetsukabuto para características dos frutos. **Horticultura Brasileira**, v. 35, n. 2, p. 180–185, 2017.

ARUAH, C. B.; UGURU, M. I.; OYIGA, B. C. Variations among some Nigerian Cucurbita landraces. **African Journal of Plant Science**, v. 4, n. 10, p. 374-386, 2010.

ASSIS, J. G. A.; ANDRADE, D. C. L.; PRATES JÚNIOR, P.; BORGES, R. M. E.; SOUZA, R. C. D. Recursos genéticos de cucurbitáceas convencionais e subutilizadas no estado da Bahia, Brasil. **Magistra**, v. 24, n. 4, p. 323-331, 2012.

BAGGIO, M. I. Genética e novas biotecnologias no melhoramento de trigo. In: CUNHA, G. R. (Org.). **Trigo, 500 anos no Brasil. Passo Fundo: Embrapa Trigo**, 1999. p. 90-95 (Embrapa Trigo. Documentos, 10).

BALKAYA, A.; ÖZBAKIR, M.; KURTAR, E. S. The phenotypic diversity and fruit characterization of winter squash (*Cucurbita maxima*) populations from the Black Sea Region of turkey. **African Journal of Biotechnology**, v. 9, p. 152–162, 2010.

BARBIERI, R. L. A diversidade de abóboras no Brasil e sua relação histórica com a cultura. **Slow Food Brasil**, 2012. Disponível em: <http://www.slowfoodbrasil.com/textos/alimentacao-e-cultura/501-aboboras-e-cultura>. Acesso em: 08 mar. 2012.

BARBOSA NETO, J.F. **Application of molecular markers to genetic diversity and quantitative trait loci detection studies in oat and wheat** Ithaca, NY. 87 p. Thesis (Plant Breeding) - Cornell University, 1995.

BERED, F.; BARBOSA NETO, J. F.; CARVALHO, F. I. F. DE. Marcadores moleculares e sua aplicação no melhoramento genético de plantas. **Ciência Rural**, v. 27, n. 3, p. 513–520, 1997.

BHERING, L. L. Rbio: A tool for biometric and statistical analysis using the R platform. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 17, p. 187-190, 2017.

BISOGNIN, D. A. Origin and evolution of cultivated cucurbits. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.32, n.5, p.715-723, 2002.

BLANK, A. F.; SILVA, B. T.; MATOS, M. L.; CARVALHO FILHO, J. L. S.; SILVA-MANN, R. Parâmetros genotípicos, fenotípicos e ambientais para caracteres morfológicos e agronômicos em abóbora. **Horticultura Brasileira**, v. 31, p. 106–111, 2013.

BORGES, R. M.E.; DE RESENDE, G.M.; DE LIMA, MARIA A.C. Phenotypic variability among pumpkin accessions in the Brazilian Semiarid. **Horticultura Brasileira**, v.29, n. 4, p. 461-464, 2011.

BOTREL. Qualidade pós-colheita de abobrinha italiana, produzida em sistema orgânico com composto de farelos, tipo Bokashi®. **Revista Brasileira de Agroecologia**, v. 2, n. 2, 2007.

BRAMMER, S. P. **Variabilidade e diversidade genética vegetal: requisito fundamental em um programa de melhoramento**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2002. 9 p. html. (Embrapa Trigo. Documentos Online; 29). Disponível em: http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/p_do29.htm

CARDOSO, A. I. I.; SOUZA NETO, I. L. **Melhoramento de abóbora, abobrinha e moranga (Squash and zucchini breeding)**. Melhoramento de hortaliças. Viçosa, MG: Editora UFV, p. 61-94, 2016.

CARDOSO, R. D. L. **Caracterização morfológica e citológica de gerbera: subsídio para o melhoramento genético**. 2007. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo, RS, 2007.

CARLESO, Â. A. **Características morfofisiológicas de folhas de soja e sua relação com o desempenho agrônomo da cultura**. 2018. Trabalho de Conclusão de Curso - Universidade Tecnológica Federal do Paraná, 2018.

CARVALHO, M. F.; ALBUQUERQUE JUNIOR, C. L.; GUIDOLIN, A. F.; FARIAS, F. L. Aplicação da análise multivariada em avaliações de divergência genética através de marcadores moleculares dominantes em plantas medicinais. **Revista Brasileira de Plantas Medicinais**, v. 11, n. 3, p. 339–346, 2009.

CDZ TECNOLOGIA, [HTTP://WWW.CDZTECNOLOGIA.COM.BR](http://www.cdztecnologia.com.br), **Pesquisa aponta que 86% das abobrinhas são reclassificadas na CEAGESP, - CEAGESP -**, disponível em: <>. acesso em: 5 maio 2025.

CHAGAS, K. P. T.; SOUSA, R. F.; FAJARDO, C. G.; VIEIRA, F. A. Seleção de marcadores ISSR e diversidade genética em uma população de *Elaeis guineensis*. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 10, n. 1, p. 147–152, 2015.

COELHO JÚNIOR, L. F. **Avaliação, divergência genética e seleção de genótipos de abóbora em diferentes ambientes**. 2024. 139 f. Tese (Doutorado em Agronomia/Fitotecnia) - Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2024.

COLLARD, B.C.Y.; MACKILL, D. J. Start codon targeted (SCoT) polymorphism: a simple, novel DNA marker technique for generating gene-targeted markers in plants. **Plant molecular biology reporter**, v. 27, p. 86-93, 2009.

COLOMBARI FILHO, J. M. Melhoramento genético de *Cucurbita pepo* (“abobrinha”). **Seminários em Genética e Melhoramento de Plantas**, Piracicaba, p. 1–2, 2006. Disponível em: 1. Acesso em: 06 fev. 2024.

CRUZ, C.D. GENES – a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v.35, n.3, p.271-276, 2013.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2001. 390 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento**. Viçosa: UFV, 2012. v. 1, 514 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento**. Viçosa: UFV, 2014. v. 2, 3ª ed. 668 p.

DJÉ, Y.; TAHI, G. C.; ZORO BI, I. A.; MALICE, M.; BAUDOIN, J. P.; BERTIN, P. Optimization of ISSR for African edible-seeded Cucurbitaceae species' genetic diversity analysis. **African Journal of Biotechnology**, v. 5, p. 83–87, 2006.

DIAS, R. d. C. S.; SANTOS, J. S. d.; RIBEIRO JUNIOR, P. M.; SILVA, C. M. d. J.; QUEIROZ, M. A. d. **Variabilidade de acessos do BAG de Abóbora e Jerimum Caboclo da Embrapa Semiárido quanto à resistência a estresses bióticos**. Petrolina: Embrapa Semiárido, 2024. (Folheto).

EDWARDS, K.; JOHNSTONE, C.; THOMPSON, C. A simple and rapid method for the preparation of plant genomic DNA for PCR analysis. **Nucleic acids research**, v. 19, n. 6, p. 1349, 1991.

EISENDRATH, E. R. Portraits of plants. A limited study of the 'icones'. **Annals of the Missouri Botanical Garden**, v. 48, p. 291–327, 1961.

ESQUINAS-ALCAZAR, J.T.; GULICK, P.J. **Genetic resources of Cucurbitaceae: A global report**. Rome: IBPGR, 1983. 101p.

FALEIRO, F. G. **Marcadores genético-moleculares aplicados a programas de conservação e uso de recursos genéticos**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2007.

FAOSTAT. **Cantidades de producción por país**. 2018. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC/visualize>. Acesso em: 27 abr. 2023.

FERREIRA, M. A. J. F.; QUEIROZ, M. A.; BRAZ, L. T.; VENCOVSKY, R. Correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente entre dez caracteres de melancia e suas implicações para o melhoramento genético. **Horticultura Brasileira**, v. 21, n. 3, p. 438–442, 2003.

FERREIRA, M. A. J. F. Abóboras e morangas. In: BARBIERI, R. L.; STUMPF, E. R. T. (eds.). **Origem e evolução de plantas cultivadas**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2008. cap. 3, p. 61-88.

FERREIRA, M.E.; GRATAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3.ed. Brasília: EMBRAPA-CENARGEM, 1998. 220p.

FILGUEIRA, F.A.R. **ABC da Olericultura**. São Paulo: Agronômica Ceres, 1987. p. 67-162.

FILGUEIRA, F. A. R. Novo Manual de Olericultura: agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças. 3. ed. ver. e ampl. – Viçosa, MG: Ed. UFV, 2013. 421 p.

FISCHER, SZ; BARBIERI, RL; PEIL, RMN; STUMPF, ERT; NEITZKE, RS; VASCONCELOS, CS; TREPTOW, RO. 2016. **Cultivo e uso de variedades crioulas de abóboras ornamentais no Rio Grande do Sul**. Horticultura Brasileira 34: 398-404. DOI - <http://dx.doi.org/10.1590/S010205362016003015>

FRESCURA, V. D.; LAUGHINGHOUSE IV, H. D.; DOROW, T. S. C.; TEDESCO, S. B. Pollen viability of *Polygala paniculata* L. (Polygalaceae) using different staining methods. **Biocell**, v. 36, n. 3, p. 143–145, 2012.

FUCHS, L. **De historia stirpium**. Basel: Isingrin, 1542. p. 372, 698–699, 825.

GALERIANI, T.; COSMO, B.; BENETON, A.; NOVAKOSKI, F. Considerações sobre produção de sementes de abóbora. **Revista Agronomia Brasileira**, v. 4, 2020.

GARCIA, A. C. **Supressão e frequência de irrigação na cultura da abobrinha**. 2015. 66 f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Agrícola) - Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, CE, 2015.

GOMES, R. S. **Variabilidade morfoagronômica e nutricional de acessos de Cucurbita moschata Duch.** do Banco de Germoplasma de Hortaliças - UFV. 2017. 37 f. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2017.

GUPTA, M.; CHYI, Y. S.; ROMERO-SEVERSON, J.; OWEN, J. L. Amplification of DNA markers from evolutionary diverse genomes using single primers of simple-sequence repeats. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 89, p. 998–1006, 1994.

GUSSON, E.; SEBBENN, A. M.; KAGEYAMA, P. Y. Sistema de reprodução em populações de *Eschweilera ovata* (Cambess.) Miers. **Revista Árvore**, v. 30, n. 4, p. 491-502, 2006.

HORA, R.C.; CAMARGO, J.; BUZANINI, A.C. Cucurbitáceas e outras. In: BRANDÃO FILHO, J.U.T., FREITAS, P.S.L., BERIAN, L.O.S., and GOTO, R., comps. **Hortaliças-fruto** [online]. Maringá: EDUEM, 2018, pp. 71-111. ISBN: 978-65-86383-01-0. <https://doi.org/10.7476/9786586383010.0005>.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (IBGE). 2010. Pesquisa de orçamento familiares: 2008-2009. Rio de Janeiro: **IBGE**, 282p.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (IBGE). **Censo Agropecuário. Tabela 822 - Produção, venda, valor da produção e área colhida da lavoura temporária por produtos da lavoura temporária, condição produtor em relação às terras, grupos de atividade econômica, grupos de área total e grupos de área colhida**. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/822#resultado>. Acesso em 27 abr. 2023.

INSTITUTO NACIONAL DE METEOROLOGIA (INMET). **Banco de dados meteorológicos**. Brasília. Disponível em: <https://bdmep.inmet.gov.br/>. Acesso em: 26 jul. 2024.

JOHNSON, H. W.; ROBINSON, H. F.; COMSTOCK, R. E. Estimates of genetic and environmental variability in soybeans. **Agronomy Journal**, v. 47, p. 314–318, 1955.

LANA, M. M.; TAVARES, S. A. (Ed.). 50 **Hortaliças: como comprar, conservar e consumir**. 2. ed. rev. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2010. 209 p. il. color.

LIMA, G. K. L. **Resgate e estudo de germoplasma de *Cucurbita* spp. do Rio Grande do Norte**. 2013. 157 p. Tese (Doutorado) - Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2013.

LIMA, G. K. L.; QUEIRÓZ, M. A.; SILVEIRA, L. Rescue of *Cucurbita* spp. germplasm in Rio Grande do Norte. **Revista Caatinga**, v. 29, p. 257–262, 2016.

LIMA, C. S. M.; RUFATO, A. R.; FACHINELLO, J. C.; ANDRADE, S. B.; GAUTÉRIO, G. R. Caracterização dos aspectos florais de cultivares de pereira (*Pyrus* sp.) e marmeleiro (*Cydonia oblonga* Mill). **Revista Inova Ciência & Tecnologia**, Uberaba, n. 3, p. 20-27, 2016. Disponível em: DOI 10.1590/S0100-29452004000200005.

LOPES, J.F.; CASALI, V.W.D. Produção de sementes de cucurbitáceas. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v.8, n.85, p.65-68, 1982.

LUO, C.; HE, X. H.; CHEN, H.; OU, S. J.; GAO, M. P. Analysis of diversity and relationships among mango cultivars using Start Codon Targeted (SCoT) markers. **Biochemical Systematics and Ecology**, v. 38, n. 6, p. 1176–1184, 2010.

MAGNAGO, M. E. A.; CARNELOSSI, P. R.; CAMAGO JUNIOR, O. A.; CONTIERO, R. L.; ALBUQUERQUE, F. A.; GONELA, A. Análise de diversidade genética entre espécies do gênero *Moringa* utilizando marcador molecular SCoT. **Universidade Estadual de Maringá**, Maringá, PR, 2023. Resumo Científico. ISSN 2966-2338.

MÉLO, D. D. B. M.; SANTOS, A. L. A.; BEELEN, R. N.; LIRA, T. S.; DE ALMEIDA, D. A. S.; LIMA, L. P. Polinização da abóbora (*Curcubita moschata* D.): um estudo sobre a biologia

floral e visitantes florais no município de Satuba-AL. **EDUCTE: Revista Científica do Instituto Federal de Alagoas**, v. 1, n. 1, 2010.

MEYER, F. G.; TRUEBLOOD, E. E.; HELLER, J. L. **The great herbal of Leonhart Fuchs: Commentary**. v. 1. Stanford: Stanford University Press, 1999.

MIRANDA, J. d. S.; SANTOS, H.; BORGES, R. Determinação da eficiência de polinização em linhagens de abóbora. In: **REUNIÃO DE BIOFORTIFICAÇÃO NO BRASIL**, 5., 2015, São Paulo. Anais. Brasília, DF: Embrapa, 2015.

NACHBAR, L.; SOUZA, S. A. Estimativa da viabilidade polínica e polinização controlada de variedades tradicionais de *Cucurbita moschata* Duchesne. **ENCICLOPEDIA BIOSFERA**, [S. l.], v. 15, n. 27, 2018. Disponível em: <https://www.conhecer.org.br/ojs/index.php/biosfera/article/view/554>. Acesso em: 29 maio. 2023

NEALE, D. B.; WILLIAMS, C. G. Restriction fragment length polymorphism mapping in conifers and applications to forest genetics and tree improvement. **Canadian Journal of Forest Research**, Ottawa, v. 21, p. 545-554, 1991.

NEE, M. The domestication of *Cucurbita* (Cucurbitaceae). **Economic Botany**, v.44, n.3 (supplement), p.5668, 1990.

NEPI, M.; PACINI, E. First observations on nectaries and nectar of *Cucurbita pepo*. **Giornale Botanico Italiano**, Firenze, v. 127, p. 1208-1210, 1993.

NICODEMO, D.; COUTO, R. H. N.; MALHEIROS, E. B.; JONG, D. D. Biologia floral em moranga (*Cucurbita maxima* Duch. var. "Exposição"). **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 29, n. 4, p. 611–616, 2007.

ÖZTÜRK, H. İ.; DÖNDERALP, V.; BULUT, H.; KORKUT, R. Morphological and molecular characterization of some pumpkin (*Cucurbita pepo* L.) genotypes collected from Erzincan province of Turkey. **Scientific Reports**, v. 12, 6814, 2022. [https://doi.org/ 1038/s41598-022-11005-1](https://doi.org/1038/s41598-022-11005-1)

PANDEY, S.; ANSARI, W. A.; KRISHNA, R.; SINGH, V.; PANDEY, MANISH. Morphological and molecular characterization of *Cucurbita moschata* genotypes: insights from RAPD and SSR marker analyses across Indian agro-climatic zones. **Discover Plants**, v. 2, 93, 2025. [https://doi.org/ 10.1007/s44372-025-00187-3](https://doi.org/10.1007/s44372-025-00187-3)

PARIS, H. S. Historical records, origins, and development of the edible cultivar groups of *Cucurbita pepo* (Cucurbitaceae). **Economic Botany**, v. 43, p. 423–443, 1989.

PARIS, H. S. History of the cultivar-groups of *Cucurbita pepo*. **Horticultural Reviews**, v. 25, p. 71–170, 2001.

PARIS, H. S.; DAUNAY, M. C.; PITRA, M.; JANICK, J. First known image of *Cucurbita* in Europe, 1503-1508. **Annals of Botany**, v. 98, p. 41-47, 2006.

PEREIRA, A. M.; KRUMREICH, F. D.; RAMOS, A. H.; KROLOW, A. C. R.; SANTOS, R. B.; GULARTE, M. A. Physicochemical characterization, carotenoid content and protein digestibility of pumpkin access flours for food application. **Food Science and Technology**, v. 40, p. 691–698, 2020.

PÉREZ-MORO, C.; D'ESPOSITO, D.; CAPUOZZO, C.; GUADAGNO, A.; PÉREZ-DE-CASTRO, A.; ERCOLANO, M. R. Discovery of variation in genes related to agronomic traits by sequencing the genome of *Cucurbita pepo* varieties. **BMC Genomics**, v. 26, 335, 2025. <https://doi.org/10.1186/s12864-025-11370-x>

PRIORI, D.; BARBIERI, R. L.; MISTURA, C. C.; VILLELA, J. C. B. Caracterização morfológica de variedades crioulas de abóboras (*Cucurbita maxima*) do sul do Brasil. **Revista Ceres**, v. 65, p. 337–345, 2018.

PRIORI, D.; BARBIERI, R.; CASTRO, C.; CARBONARI, T.; SELEDES, R.; CASTRO, M.; VALGAS, R. Divergência Genética entre Acessos de Variedades Crioulas de *Cucurbita maxima* com Base em Descritores Morfológicos de Fruto. In: **CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS**, 7., 2013, Uberlândia. Variedade melhorada: a força da nossa agricultura: anais. Viçosa, MG: SBMP, 2013. p. 3119–3122.

PRIORI, D.; BARBIERI, R. L.; CASTRO, C. M.; OLIVEIRA, A. C.; VILELA, J. C. B.; MISTURA, C. C. Diversidade genética de *Cucurbita pepo*, *C. argyrosperma* e *C. ficifolia* empregando marcadores microssatélites. **Horticultura Brasileira**, v. 31, p. 361–368, 2013.

RAMOS, S. R. R.; QUEIRÓZ, M. D.; CASALI, V. W. D.; CRUZ, C. D. Recursos genéticos de *Cucurbita moschata*: caracterização morfológica de populações locais coletadas no Nordeste brasileiro. In: QUEIROZ, M. A. de; GOEDERT, C. O.; RAMOS, S. R. R. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o Nordeste brasileiro**. Petrolina: Embrapa Semi-Árido; Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 1999.

RESENDE, G. M.; BORGES, R. M. E.; GONÇALVES, N. P. S. Produtividade da cultura da abóbora em diferentes densidades de plantio no Vale do São Francisco. **Horticultura Brasileira**, v. 31, p. 504–508, 2013.

ROCHA, J. S.; SILVA, M. M.; RUAN, H.; COSTA, A. M.; MADUREIRA, L. M.; MENDES, D. S.; PUBLIO FILHO, W. M. Qualidade pós-colheita de frutos de abóbora mini-paulista (*Cucurbita moschata*), cultivado sob diferentes adubações orgânicas. In: FÓRUM DE ENSINO, PESQUISA, EXTENSÃO E GESTÃO, 8., 2014, Montes Claros. **Anais...** Montes Claros: [s. n.], 2014. v. 8.

ROCHELLE, L. A. Descrição taxonômica de cultivares de *Cucurbita maxima* Duchesne e *Cucurbita pepo* Linneu. **Anais da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz**, v. 31, p. 667700, 1974.

RODRIGUES, M. C. C.; SILVA, R. de K. G.; PRINS, C. L. Manejo correto na produção de cucurbitáceas. **Cultivar Hortaliças e Frutas**, Pelotas, v. 16, n. 123, p. 10-13, abr./maio 2021. Disponível em: <https://revistacultivar.com.br/noticias/manejo-corretona-producao-de-cucurbitaceas> 1. Acesso em: 16 fev. 2024.

ROMANO, C.; STUMPF, E. R. T.; BARBIERI, R. L.; BEVILAQUA, G. A. P.; RODRIGUES, W. F. **Polinização manual de abóboras**. 1. ed. Pelotas, RS: Embrapa Clima Temperado, 2008. 25 p. (Documentos, 225).

RUIZ, E.; SIGARROA, A.; CRUZ, J. A. Analisis dialelico del rendimiento y sus principales componentes em variedades de calabaza (*Cucurbita moschata* Duch) I. tabla dialelica de griffing. **Revista Biologia**, v. 18, p. 65–73, 2004

SABET, H.; ASADI-GHARNEH, H. A.; NASR-ESFAHANI, M.; FARHADI, A. Genetic diversity and population structure analysis of squash accessions using SRAP, ISSR and SCoT markers. **South African Journal of Botany**, v. 187, p. 519-529, 2025. <https://doi.org/10.1016/j.sajb.2025.10.046>

SANDES, A. R. R.; DI BIASI, G. Biodiversidade e diversidade química e genética. **Biotecnologia, Ciência e Desenvolvimento**, n. 13, p. 28-32, 2000.

SANTANA, I. B. B.; OLIVEIRA, E. J.; SOARES FILHO, W. S.; RITZINGER, R.; AMORIM, E. P.; COSTA, M. A. P. C.; MOREIRA, R. F. C. Variabilidade genética entre acessos de umbu-cajazeira mediante análise de marcadores ISSR. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 33, n. 3, p. 868-876, 2011. <<http://dx.doi.org/10.1590/S0100-29452011005000090>>

SANTOS, M. H. D.; RODRIGUES, R.; GONÇALVES, L. S. A.; SUDRÉ, C. P.; PEREIRA, M. G. Agrobiodiversity in *Cucurbita* spp. landraces collected in Rio de Janeiro assessed by molecular markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. 2, p. 96–103, 2012.

SERRA, B. D. V. **Entomophilic pollination of *Cucurbita moschata* Poir in areas agricultural on the municipal district of Viçosa and Paula Cândido, Minas Gerais, Brazil.** 2007. 58 f. Dissertação (Mestrado em Ciência entomológica; Tecnologia entomológica) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2007.

SILVA, D. J. H.; MOURA, M. C. C. L.; CASALI, V. W. D. Recursos genéticos do banco de germoplasma de hortaliças da UFV: histórico e expedições de coleta. **Horticultura Brasileira**. v. 19, n. 2, p. 108-114, 2001.

SILVA, P. H. M.; MORAES, C. B. de; MORI, E. S. **Polinização controlada em eucaliptos nas empresas florestais brasileiras.** Circular Técnica, n. 204, p. 1-12, 2012. Disponível em: <<http://hdl.handle.net/11449/137539>>.

SOARES, T. L.; SOUZA, E. H.; COSTA, M. A. P. C.; SILVA, S. O.; SANTOS-SEREJO, J. A. Viability of pollen grains of tetraploid banana. **Bragantia**, Campinas, v. 75, p. 30, 2016. DOI 10.1590/1678-4499.328.

STURTEVANT, E. L. History of garden vegetables: Squash, pumpkin, and gourd. **American Naturalist**, v. 24, p. 727–744, 1980.

TANKSLEY, S. D. Molecular markers in plant breeding. **Plant Molecular Biology Report**, Athens, v. 1, p. 3-8, 1983.

TAIZ, L.; ZIEGER, E. **Fisiologia vegetal.** Tradução: SANTARÉM, E. R. et al. 5. ed. Porto Alegre: Artmed, 2013. 719 p.

TEPPNER, H. *Cucurbita pepo* (Cucurbitaceae)—history, seed coat types, thin coated seeds and their genetics. **Phyton**, v. 40, p. 1–42, 2000.

TOREZANI, K. R. S.; LAUMANN, R.; SOUSA, A. A. T. C. de; SUJII, E.; PIRES, C. Visitantes florais e potenciais polinizadores da Abóboreira (*Cucurbita pepo* L.) no Distrito Federal. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2017. 8 p. (Circular Técnica / Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 92). Disponível em: <http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/1076467>.

TORRES FILHO, J. **Caracterização morfo-agronômica, seleção de descritores e associações entre a divergência genética e a heterose em meloeiro**. Tese de Doutorado. Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró. 2008. 150p.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. (Coord.). Melhoramento e a produção de milho no Brasil. Piracicaba: **Fundação Cargill**, 1987. p.137-214.

WAN SHAFIIN, W. N. S. S.; ABLAH, N. L.; NUR FATIHAH, H. N.; ALAM, M. A.; MA'ARUP, R.; JAHAN, M. S.; ALIAS, N. Breeding strategies for enhancing nutrient content and quality in Cucurbitaceae: a review. **International Journal of Vegetable Science**, v. 27, n. 5, p. 415–438, 2021.

WHITAKER, T.W. American origin of the cultivated cucurbits. **Annals of the Missouri Botanical Garden**, v.34, 101–111, 1947.

WILLIAMS, J.; KUBELIK, A.; LIVAK, K.; RAFALSKI, J.; TINGEY, S. DNA Polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. **Nucleic Acids Research**, v. 18, p. 6531–6535, 1990.

ZHITENEVA, N. E. Survey of the principal literature on the systematics of pumpkins and squash. **Trudy po Prikladnoi Botanike, Genetike i Seleksii**, v. 23, p. 343–356, 1930.

ZOU, J.; WU, X.; LIU, X.; PENG, C.; MA, Y.; ZHANG, X.; YANG, X.; LUO, S.; XING, W.; HONG, H.; LI, L.; TAN, B.; JING, R.; XU, Z. Identification and genetic diversity analysis of Cucurbita varieties based on SSR markers. **Agronomy**, v.15, n.6, 1420, 2025.
<https://doi.org/10.3390/agronomy15061420>